

EP 0 786 519 A2

AGTTCCTTTT TACTTTGATA ATTTTATATT CAATTTGTTC ATTAATTAAA GCTTGTGGTA 4500
 TGAAAATAGG AAAGCGATCT ATTTTACGA CACCATGGCC TTCATGCGTT AAATCAACAA 4560
 5 CTGTTCCCGT TTTTATGTCA TTTTAGCTA TTGCTTGCAA AATTTTACCT CCAAAATGAA 4620
 CAGGTTAGGA ACAAATTAT GCGCTTCTA ACCTGCCATT ATATATTTCA CTATTTCTGT 4680
 TTATCTTCG ATTAAATTGT CATCAACATG ATCATTATTT ATTAACCTT CATTTACAAT 4740
 10 ATCATTAGGT GCAAAGACAT CTATATGACG TTCTAGATTT AAGAAATTCG CTGGTAATTT 4800
 ACCACCATAT TCTCCATCTA CATTTAGTTG TAAGTCTGTG AATGATGAAA TATTAATTGC 4860
 CTTTGCTTTT TCATAAATAA CTTTAGGATG CTTAGTATGT TCTCCTCTG AAGCTAAAGT 4920
 15 CATAATATGA CCAAGTTCTG CAAGGTTTGA TTTTCAACT ATAATTAACG TAAAATAGCC 4980
 GTCATCTAAC TTAGCGTCCG GCACTAATTT TTCAAATCCT GCCATTGAAT TTGTTAAACC 5040
 20 TAAAAAGAAT AATAATGCTT CTCCTTGGA AACATTACCA TCATATTCAA TTCTTAAATC 5100
 TACAGCTTTC ATTTGAGGTA ACATTTGAA ACCTTTGATG TAATAAGCAA ATGGACCAAC 5160
 AATAGATTTT AATTTACTCG GTGTTTCATA AGAGACTTGC GTCAATTGTC CGCCTGCAGC 5220
 25 TAAATTAATA AAGTATCGAT TATTCATTTT ACCAATATCT ACTTTAGTAG AATGACCTTC 5280
 AATGATGACA TCAAGTGCCC CCATGATGTC ATTAGGTATA TGCAATGCAC GTCCAAAGTC 5340
 ATTAACAGTA CCCATAGGAA TGACACCTAG CTTAGGACGA TTAGGCTTTT CTGCGATACC 5400
 30 ATTAACACT TCATTTAATG TTCCATCACC ACCTGCAGCG ATTAATACAT CATAATTTTC 5460
 ATGCATAGCT CTTTCTGCTT CAAGTGTGGC ATCACCTATT TTCTCGGTG CATATGCACT 5520
 CGTTTCATAT CCCGCTTTT CTAATTTTAT TAAGGCATCA GGTAATTCTC TTTTAAATAG 5580
 35 CTCTTTACCT GATGTCGGGT TATAAATGAT TCTAGCACGT TTCCTCATAT CTTATCCCTC 5640
 TACTTAAAT TCATATATTT TAACCTCATC TTGTTTTCGT CTAATAGGGA GTGGGACAGA 5700
 AATAATATTT AACAAATTT ATTTCTGTTT ACCCCAACCT GCATTGTCTG TAGAATTTCC 5760
 40 TTTCGAAATT CTCTATGTG GGGCCCCACC CCAACTTGCA CATTATTGTA AGCTGACAGA 5820
 AAGTCAGCTT CTTTGTGTTG GGGCCCCGCC AACTTGACA TTATTGTAAG CTGACAGAAA 5880
 45 ATCAGCTTCT ATGTTGGGGC CCCACTAGAA TTGAAAAAG CTTGTTACAA GCGTATTTTC 5940
 TTTCAGTCAA CTACAGCCAA TATAACATTG TACTGCCTAG GACATTGAAT TTATGACCCA 6000
 GGCTCAGTCT TATTTTCATCA TTCTTAATAT CGTTAAAGAC CAACTTGTAT CTTAAACAAA 6060
 50 TACTATCTCA ATATGTACAA AGCTTGTTAT TTATTCAGCA TTTTGTCCG TTCTTCATTA 6120
 TATAGCTTCG TCAGTTATGC TATTTTACCT TTAAATGAT GTTGTAATA TAATGTTGTC 6180

55

EP 0 786 519 A2

	AACGCATTAA TAAAATTAAT ATTTTACCA TTAACATGTA CAATGAATAA AGTTAAAAGT	6300
	AATTTGACTT CTATAGATAT AAATAAACCC TCGATTGCAT CTAAGTCAGC AATCAAGGGT	6360
5	TTATTTTSTA AATCTTCATA GTTTGATGAT TTAAATTATC TTTTATCTAA TTCTTGTTTT	6420
	AATAGTTGAT TTAATAATTG TGGATTAGCT TGACCTTTAG ACGCTTTCAT AATTTGACCA	6480
10	ACTAAGAAGC CCATAGCTTT GCCTTTACCA TTTTGTAAAT CTTCAACTGA TTGTTTCGTTA	6540
	TTGTCTAATG CTTCATTTAC AAATTTTAGA AGTGTTGCTT CATCAGAAAT TTGAAGTAAG	6600
	CCATTATCTT CCATAATCTG TTTAGCATTG CCACCTTTAG CTGCTAACTC TGGGAAGACT	6660
15	TTCTTCGCAA TTTTACTGCT CATTGTTCCG TCTTCGATAA GTTTAATCAT ACCTGCTAAA	6720
	TTTTCTGGTG TTAATTTAGT ATCTAATAAT TCTACTTGAT TTTTATTTAA ATATTCTGTTT	6780
	ACGCCACCCA TTAACCAAGT AGATGTTAAT TTAACATCTG CACCGTGTTT AATTGTTGAT	6840
20	TCAAAGAAAT CTGACATTTT TTTAGTCAAT GTTAATACGT GTGCATCGTA TGCAGGTAAA	6900
	CCTAATTCAT TTACATACTT AGCTTTACGT TCATCTGGTA ATTCAGGAAT TGTCTGACGA	6960
	ACACGCTCTT TCCAAGCATC ATCAATATAT AAAGGTACAA TGTCAGGCTC TGGGAAGTAA	7020
25	CGGTAATCAT CAGAACCTTC TTTAACACGC ATTAAAATTG TTTTACCTGT AGATTTCATCA	7080
	AATCGACGTG TTTCTTGTCG GATTTCTCCA CCATTTAACA ATTCTTCTTC TTGGCGTTTT	7140
	TCTTCATATT CTAAACCTTT ACGTACATAG TTAAATGAGT TTAAGTTTTT CAATTCGGCT	7200
30	TTAGTACCAA ATTTTCTTG ACCATATGGA CGTAAAGAGA TGTTAGCATC ACAACGTAAA	7260
	GATCCCTCTT CCATCTTAAC GTCTGATACA CCAGTGTATT GAATAATTGA ACGCAATTTT	7320
35	TCTAAATATG CATATGCTTC TTTAGGTGAA CGAATATCTG GTTCAGATAC GATTTCAATT	7380
	AGCGGTGTAC CTTGACGGTT CAAGTCAACT AATGAATACT CACCTTTATG TGTGACTTA	7440
	CCAGCATCTT CTTCCATGTG AAGACGAGTA ATACCGATTC GTTTTGTTC ACCGTCGACT	7500
40	TCGATATCGA TATATCCATT TTCACCAATT GGTGATCAA ATTGAGAAAT TTGATATGCT	7560
	TTTGGATTAT CTGGATAGAA ATAGTTCTTA CGGTCAAAT TAGATTCTGT TGCATTTCC	7620
	ATATTTAGTG CCATTGCAGC ACGCATTGCC CAGTCTACTG CACGCTTATT AACAACTGGT	7680
45	AAGACACCTG GATATGCTAA GTCGATAACA TTTGTATTG AGTTAGGTTT TGCTCAAAA	7740
	TGCGCTGGTG ATGGAGAAAA CATTTTGTAG TCCGTTTTTA ACTCTACGTG AACTTCAAGT	7800
	CCTATAACTG TTTCAAAATG CATGATTTCC ACTCCTTATA ATTTTTCATA AACGTCATGT	7860
50	AAATTGTATT GTGTTTCATA TTGATAAGCG ACACGATATA ACGTTTTTTC ATCGAATGGT	7920
	TTACCAATGA ACTGTAAACC GATTGGTCGG CCATTTGATT GTCCACAAGG AACAGAAATA	7980

55

EP 0 786 519 A2

	GGATCATCAA TTTCTTCACC TAAATTAAAC GCaGTgTnAG GCGCTGTTGG ACCAACTACT	8100
	ACATCATAAT TTTCGAATAC TTTATCAAAG TCATTTTAA TCAATGTTCT AACTTTTTGA	8160
5	GATTTTTTAT AGTAAGCATC ATAGTAACCT GAACTTAATG CAAATGTACC TAAGAAAATA	8220
	CGACGTTTTA CTTCTTTACC GAAACCTTCA GATCTTGACA TTTATATAA TTCTTCTAAT	8280
	GAATGAGCTT CTTTAGAATG ATAACCATAA CGAATTCGGT CAAAACGAGA AAGGTTTGAC	8340
10	GAAGCTTCTG ATGATGCAAT CACGTAATAT GATGGAATAC CAAATTTAGT ATTTGGCAAT	8400
	GATACTTCCT CAACGACAGC ACCTAAAGAT TTTAAAGTTT CTACAGCGTT TTGAAGTGT	8460
15	TCTTTTACGT CATCAGCTAC ACCTTCACCT AAGTATTCTT TAGGTAATGC AACTTTTAAT	8520
	CCTTTAATAT CTTTACCAAT TTCAGATGTA AAGTCTACAT CATCAACTGG TGCATTGTA	8580
	GAGTCATTAA CATCTGCACC AGAAATAGCT TCTAATACGA TTGCATTATC TTTTACATT	8640
20	CGAGTCAATG GACCAATTTG GTCTAATGAA GATGCAAAAG CAACTAATCC AAATCGAGAT	8700
	ACACGACCGT ATGTTGGTTT CATACCGACA ACGCCACAAT ATGCAGCCGG TTGTCTAATT	8760
	GAACCACCTG TGTCTGAACC TAAGCTAAAT GGTACTAAGC CAGCTGCAAC TGCTGCTGCA	8820
25	GATCCACCTG ATGAACCACC TGGCACTGCT TTATGGTCAA ATGGGTAAAC TGTTTTTTTG	8880
	AAATAAGATG TTTCTGTTGA ACCACCCATT GCAAACCTCAT CCATATTTAA TTTACCGATT	8940
	AAAACGGCAT TTTTATTATG TAGTTTTTCC ATTACAGTAG ATTCTGTAAT TGGCACAAA	9000
30	CCTTCTAACA TTTTACTTGC ACATGTTGTT TCTAATCCGT TTGTAATAAT GTTATCTTT	9060
	ATACCCATTG GAATACCAAA TAATTTGCCA TCCATTGAT CTTTGTCTG TAATTCATCC	9120
	AATCTTGGC CTTTTTTGAT TGCATTTTCT TTATCCAGCG CTAGAAAAGA CTTAATTGTT	9180
35	GGATCAGTCT CTTCAATTGC ATCATATATA TCTTTAACAA CATCAGATGG TTTGATTTTT	9240
	TTGTCTTTTA TTAAAGTTAA TAAATTCTCA ACCGATTCGT AGCGAATGCT CATCTTACGC	9300
40	GTCCTCCTCA TTCATGATTG TAGGCACTTT AAATGTCCA TCTTCTGTTT CTTTGGCATT	9360
	TTTCAAAGCT AATCTTGTG GAATACCTTT AATTGCTTTA TCTTCACGTA AAACGTTTTG	9420
	TAAATCTAAA ACGTGATATG TAGGTTCAAC GCCTTCTGTA TCAGCGCTAT CATTTTGTTT	9480
45	TGCAAAATCT AAAATGCTTT CTAATGTGTT GGCCATTCTT TCCGTTTCTT CAGGAGAAAT	9540
	TTGAAGTCTT GCAAGATTGC CGATATGCTC AACTTCTTCA CGTGTTACTT TTGTCATTAA	9600
	TAAAAGCCTC CTTTAAGTCA TTCATCACTA AATTGTATCA AATTTCCAAT TAAAAATCTA	9660
50	AGTATTTATG AGGTGCTACT TTAATTTTAT ATAACTGTA TAAACATTAT CATTCGTTTA	9720
	TCAAATCATT TTTTATGAAA ACAACACTCT TTTAATATTA GACAACCCAA TTCAATATTA	9780
55		

EP 0 786 519 A2

	TATATTGGTA TGCAAGTATT TCAAAAAGAA TAAATTTAAT TTTCCTACTT TTCTAAACAT	9900
	TTATCTTTAT GTATAATGTT TTCAAGTAAC TAAATTATAA ATTAAATAAA GGGAGTGTTT	9960
5	ATCATGCTTA CAATGGGGAC AGCATTAAAGT CAACAAGTAG ATGCCAATTG GCAAACCTTAT	10020
	ATTATGATTG CCGTCTACTT CTTGATACTA ATCGTTATTG GCTTTTACGG TTACAAGCAA	10080
	GCAACTGGTA ACCTAAGCGA GTACATGTGA GGTGGACGTA TATTGGACCG TATATTACTG	10140
10	CATTATCAGC TGGAGCTTCA GATATGAGTG GATGGATGAT TATGGGGCTA CCTGGTTCTG	10200
	TCTATAGCAC TGGTCTATCA GCTATGTGGA TTACAATCGG TTTAACATTA GGTGCTTATA	10260
	TAAATTACTT TGTGTGTGCT CCTAGACTTC GTGTTTATAC CGAATTAGCT GGAGATGCAA	10320
15	TTACATTACC AGATTTCCTT AAAAATCGTT TAAACGATAA AAATAATGTG TTAAAGATTA	10380
	TTTCTGGATT GATTATCGTA GTATTCTTTA CATTATATAC ACATTCTGGT TTCGTATCTG	10440
20	GTGGTAAACT ATTTGAAAGT GCTTTTGGAT TAGATTATCA TTTCGGTTTA ATATTAGTTG	10500
	CTTTCATTGT CATTTTCTAT ACTTCTTTG GTGGATATTT AGCTGTATCA ATTACAGATT	10560
	TCTTCCAAGG TGTCAATTATG TTAATTGCGA TGGTTATGGT CCCTATTGTT GCTATGATGA	10620
25	ATTTAAACGG CTGGGGAACG TTTCATGATG TAGCAGCTAT GAAACCTACA AATTTAAATT	10680
	TATTTAAAGG GTTATCATTT ATAGGAATTA TCTCTCTATT TTCATGGGGA TTAGGTTATT	10740
	TCGGTCAACC TCATATCATT GTAAGGTTTA TGTCTATTAA ATCACACAAG ATGCTACCTA	10800
30	AAGCTAGACG TTTAGGTATT AGCTGGATGG CTGTTGGTTT ATTAGGCGCT GTGGCTGTTG	10860
	GTTTAACAGG TATTGCATTC GTACCTGCTT ATCATATTAA ACTAGAAGAT CCTGAGACAT	10920
	TATTCATCGT GATGAGTCAA GTACTCTTCC ATCCTCTTGT AGGTGGTTTC TTAGTTGCTG	10980
35	CGATTCTAGC TGCAATTATG AGCACGATTT CTTACAATT ACTTGTAACA TCTAGTTCAC	11040
	TAACGGAAGA CTTTATAAAA TTAATTCGTG GTGAAGAAAA AGCTAAAACG CACCAAAAAG	11100
40	AATTTGTTAT GATTGGAAGA TTATCTGTAT TAGTTGTAGC AATTGTTGCC ATCGCGATTG	11160
	CATGGAATCC AAACGACACA ATTCTAAACT TAGTAGGTAA CGCTTGGGCC GGATTGTTG	11220
	CATCGTTCAG TCCACTTGTG CTATTTGCAC TTTACTGGAA AGGTTTGACA CGTGCCGGTG	11280
45	CTGTAAGTGG AATGGTTTCA GGTGCCTTAG TCGTTATCGT TTGGATTGCA TGGATTAAAC	11340
	CATTGGCACA TATCAACGAA ATATTCGGCT TATATGAAAT TATTCCTGGA TTTATTGTAA	11400
	GTGTAATCGT TACATATGTT GTAAGTAAAC TTAATAAAAA ACCTGGTGCA TTTGTTGAAA	11460
50	CTGACTTAAA CAAAGTTCGT GACATCGTTA GAGAAAAATA ATTCATAAGT CTTAACAAAT	11520
	TAAAAAGGTA CTAATGTAA TCAAAATTAT GACTAACATT GGTACCTTTT TATTATCTTT	11580
55		

EP 0 786 519 A2

	AATTAAAGCA CGTGGTTGGT TACCATCTTT AATACGAATT TCATAGTTAT CGATTTTATC	11700
	GAAATATTTA TTCGCTTGTT CAGTAACGTA CTGTGTAATA CCAATTGTTT CAGCTTGTCC	11760
5	ATAGTAATCG ATTGGTAAAT CTACTACTAA TCGTTGTGGC TTTTATCAA CAAATTTAAC	11820
	TTTCCCTACT GCTTGTGTGA AATTAGAAAA ATATGATTGC AAATTATCAT TAAATTGCTT	11880
	GAAATTATTA TTAAATTTT CATCATAATC TGCTGCTGTT GAAGAAGGTA ATAAAGCTGA	11940
10	TTTTTCATTG ATATTATGCC ATTCATTAAAG CTTTGTGTTGA CTCTTTTCTG CAGTCGCTTG	12000
	AGTGATAAAT TCACCTGGTG TGATTGAATC TTCACTTGAT TGCTTATAAA TTGCAAAATG	12060
	AATTGGTATA TCTTTTAAAT CATCATTTTC ACGTAACCTT GATAATATCT CACTAGCCAT	12120
15	TGTTTACCT TGCTTTTTTAA CTcGCTATCA TCTAGTTTTT TACTAAAAGT CGATCCATCT	12180
	TTTTCTTTTT TATAGTAATA AACACTATTC ATAGCTAAAC CAATCGTCAT ACCTTTAATA	12240
20	TTCTTACCTT TTGTATCTCC ACCACCATAA AAATCTTGCT CTAAATGTT AGATAAATAG	12300
	GCTGGTGATT TTTCTGCAAT CTTTTCAGGA TCTGTTTCAC CTcCGTGTGA TGGATTAAGT	12360
	CCTAAATTTT CATTCGCTTT CTTGTCTTTT TTATCTTTTT CAGACATTTT ATCGATTTC	12420
25	CGTTTGTAT ACTTAGGATT TAAATAGGCA TTAATTGTTT TCTTGTCCAA AAATTGACCA	12480
	TCTTGATACA AATATTTATC TGTTGGAAAT ACTTCTTTAC TTAAGTTCAA TAAACCATCT	12540
	TCAAAGTCGC CGCCATTATA ACTATTTGCC ATGTTATCTT GTAAAAGTCC TCTTGCCTGG	12600
30	CTTCTTTTAA ATGGTAACAA TGTACGATAG TTATCACCTT GTACATTTTT ATCCGTTGCA	12660
	ATTCTTTTTA CTTGATTGTA ACTATGTGTA TGTTTTTGAT TATCTTTTCC AGCCTGGTCA	12720
	TCCTTATGGT TACCACAAGC AGCGAGTATA AAGATAGCTG TAATCAATAA TACTAATGTA	12780
35	CGCTTCATCG ACATACCCCT CTAACATTTT AATTCATTTT GCTTATCTAC AAATTGTTGC	12840
	TCTGTCCAAA TTTCAATACC TAAACTTTGT GCTTTTGTGA ATTTTGAACC TGCATCTTCA	12900
40	CCAGCAATAA CGACATCTGT ATTTTATAGTA ACGCTACTTG TAACTTTAGC ACCTTGTGAT	12960
	GCAAGCCATT TAGATGCTTC ATTGCGTGTC ATTTGATGTA GCTTACCAGT CAGTACTATC	13020
	GTTTTACCAC TAAATTCAGG ATGTCCTTCA ATATCTGATG TTTTGATACC TTTATAAATC	13080
45	ATATTAACAT GTTTATCTTT TAATTTTGA ATTAAAGCAC GAATATCTTC ATTTTCTAAA	13140
	TAAGTAAC TAAGATTGTGC TACTTTATCA CCTATATCAT GAATTTCTAC TAATTCGCT	13200
	TCAGTTACCG TTAGTAATCG ATCTATCGTT TCATATTTTT CTGCTAACAC TTGGCTCGCT	13260
50	TTAACACCTA AATGCCTAAT ACCTAGACCA AATAATAAAT TTTCTAAAGA GTTGTCCCTTA	13320
	GCTTGTTGAA TGGCAGCTAA TAAATTATCA ACTTTTTTCT GCCCATTCT GTCTAAAGGT	13380

55

TAAAGCTGTT GAATAATTTT AGTGCCTAAA CCATCAATAT TcATGGCTTG TCTTGaTACA 13500
 AAGTGnATCa ATCctTcAAC AAGTTGTGCT TGGTCATTTT GG 13542

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1893 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 155:

CAGTAAACAC CTCTGATTAC GAATATTTAT ACATTTATTT TAACACATGC ACTGATTTAC 60
 GACTACTAAA CACCTTTACG TAAAAAGGGT AAACATGGTT TATCTATCTT GGTATCTAT 120
 TTATAAATAT TTnTCATATT ACGCATAACA ATTGCTTAAA ATATGTATAA AAATGAATAT 180
 ATGTGTAATA AACTTGCTAA TTATTAGATT TAATAAGCGT CAATTGTTTG AACATATTcA 240
 ATTAAAAATCA CATTGATATC ACAGATACGA ATATTGTCGT ATAGAAATTG AAAATTCTAT 300
 TTTTAAATG AAAGTCTTCA ACATAATTTT AAGTTTCAAC ATGAGAAAAA TCGATTAACA 360
 AACACGTCa GTTGAATATG CCTTTTGAGA CATTTCAAAC TTTACAATTG TTGCTAATCG 420
 ATATATTTGC TTTTAGTGAT CCCTGCTATA AAATAAATCA ACGATTTCTA ATAAGTGTtT 480
 TGTATTGAAT TGTTcATCAa TTTGCGTTAG TTCATCCACT GCTGCGTCTC TATGATAAGT 540
 CAATTTATCT TCTGCGCCAT CTTTCCCTAA TAAACTCACG TACGTACTTT TATTATTTTC 600
 AAGATCGCTG CCCACTTTTT TACCTAACTT TGCTTCATCA CCATAGCAGT CTAATAAATC 660
 ATCTTTAATC TGGAAATCA TACCTAAATG ATAACTATAA CTTTCTAAAT GTTCTTTAGT 720
 TGTATCATCG ACATTAGCGA TATCTGCTGC ACTCATAACC GCAAAGTTA ATAATGCTCC 780
 TGTTTTTGTT TTGTGTATCA TTTCCAAAGT TTCAAGATCA ATTGGTTGGC CTTCGCTTG 840
 CATATCTAAC ATTTGACCGC CGACCATTC AACATGACCA CTGCTATTG ACAGCCGTTG 900
 TAGAACTTTT ATTTTTACTT CATCAGTTAA TCTATCATCA CTTGAAATAA GTTCAAATGC 960
 TTTAGTTAAT AAAGCATCAC CTGCTAATAT CGCAGTCCAC TCACCATATA CTTTATGATT 1020
 TGTTAATTTT CCTCGTCGAT AATCATCATT ATCCATCGCT GGTAGGTCAT CATGAATAAG 1080
 TGAATATGTA TGAATCATTT CTAGTGCAAT TGCGCTCTTC ATACCTAACT CATACTCGGT 1140
 ATTTAGTGAA TCTAAAGTGA GTAATAACAG AACTGGTCGG ATGCGTTTAC CTCCAGCATT 1200
 TAATGAATAC AACATACTTT CTTCTAGCTG AGTATCCATT ACTGATTTAT TTATCGCAAC 1260

CATCCTCAGC TTCTTCTTTT ATTAAGTCAT TCACCTTTTT TTCGGCATT TTTAAAGTTG 1380
 TGTACAAGC TGCTGATAGT TTCATACCAC GTTGATATAA ATCTAATGAT TCCTCTAAAG 1440
 5 ATACTGTTTC ATTATCTAAT TTTTGAACAA TTTGCTCTAA TTCTTGCAATC ATTTCTTCAA 1500
 AACTTTGCGT TTCTTTAGTC ATTATTACAC CTTACTTTTCG TAACTTTTGC ATCTACTAAG 1560
 CCATCTTTCA TTGTTAACGT CAATTGATCA TTTTCTGTTA AATCTTTAGT ACTCGTAATG 1620
 10 ACTTCGTCTT TTTTATTAAC AATTGCATAT CCACGCAACA TTGTATTAGT TGGACTTAAA 1680
 TTGTTTAAGT TTTCTACTTT ATTTTTCAAA TCATTTTTAT AACTTAATAT CTTAGAATTC 1740
 AATAATTTAA CAAGTTGGTT TGTCAATTGA AGATTATnTT GTTGTCTTG ATTAACACTA 1800
 15 CTTAGTAATG CTTTTAAATn ATAACGTTGG TGCAACAGCA TTAAATCGAG GCCCCGGTGG 1860
 TCCAAAGTTG CCCGAATTnG TGGTTTCAGG CCC 1893

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 156:

30 AAAATATATT CCTTCACCTA ATATTCAATT AGAGAAAAAC ATGGTGATTG TAATATGTTG 60
 TGCAATATTT CTGGGTGTTT TAATACTTTT TTTATTTCTG AATCGTAAGC TAAGGTTGGA 120
 AATTTATAAT AATAACTCTA GTAAAGGGAA AATAATTTTA TTTCTTCAT TAAAAAACTT 180
 35 TTGTTTCACA ATATTTTATT ATTTTTTATT TGGCGGTCTT TCAATAATGG CTCTAAGTAT 240
 GTTATTAACT TTAAATCCTC AAAATATAAT AGGCTTTTATT GGTTGGTTGG TAATGACTGC 300
 AGGTTTCTTT CTGTTAAACA TGTCATCGAT TATTGACAAA AAAATTTATG TATTATCTAA 360
 40 AACTAACACG GTGGAAAAAT GATGGTTTAG CTGGATTAC TGCAGGTTCT ATTTCCGGCAA 420
 TACTTGATA TTGGACCAAT CAAAAAATG AATTTGGAAT AAAAGATAAA AACGATTGGA 480
 TAGGACATAA ACTAGACGTT GGTATAGATG CTGTAGAAAA ATCTGCAGAA AAAACAGTAG 540
 45 ATGGTGTTGA AAATGTCATG GTGAAGCTTC AAAAAGTATT TCTAATCATA TAAGCCCTAA 600
 GAAATGGAGC TGGTAAATGT TGCTATGCGA ATCTAAAATC ATCAATAAAA ACCCAAATA 660
 50 TAGAATTATT AAATATAATG ATGAATACTT AATGGTCGAT ATAATAAGCA CTTGGATTAG 720
 TTTATTTTTT CCTTTTATTA ATTGGTTCAT CCCaAAAGaA TACGTCAAAA TTAGTAGAGA 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 157:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2343 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 157:

	AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT ACAATACTTC	60
5	GTATTGAATG GcTTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TTGGTCTTCG ACTGGCACTG	120
10	CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAAACAT GTAATTTTAC TTTGAAATAC	180
	TTTTAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA ATAAAATGAA	240
20	TTTTCTGTGT TGGGTCCCTT CTTATAATTT AATAAATACC ACTAACTAA ATTAACGAGG	300
	TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGCCC CAACTACACT ACCAATAGAA ACTTCTGTTA	360
	GAATCCCTCA AAATGATATT TCACGATATG TTAATGAAAT TGTGAAACr ATACCTGATA	420
25	GCGAATTCGA TGAATTCAGA CATCATCGTG GCGCAACATC CTATCATCCA AAAATGATGT	480
	TAAAAATCAT CTTATATGCA TATACTCAAT CTGTTTAAATT ATGTTCAAAG CATTAAAGGTA	540
	ACAAGACAAT ATCTAAGATA TCAAAGATAG AAATTTTTTG ACGTTGTTGC TGATTGTAAA	600
30	CATAACCATC AATTTTCATAA TTAATAGCAT CAATACGATA AATGGTTAAG CGTACTGAAT	660
	CTACAAAGCC ATTATTATAA AATTTAACTT CTACAGGTTG GGCATATTGT AGCGCCTCGT	720
	GTAGCCGAAT GTTTAGCTCA GCCAATTGAT CATCTGATAA TACAGGACGT GTAATTTTGT	780
35	TTTGGTGCAT AATGTATTGT TGAATCGTTT CGAATTGTTC GGGTAATGTT GCAAAAGGAG	840
	CCCATTTAAT CATGCCTCTT CCCATAGGTA TATTGTTATC TAGTAATTCT CTTGGAACGT	900
	TACGATAATC AGTTTCTTCT TCATAACTTG TCATCCTTAA TTCACCCCAA TCTGATAATT	960
40	ACATTATACG AACATGTGTT CTATTTTGCA ACAAAAATTT TGTGGaAGCA TAAACGCGTT	1020
	AATAATTAAT GCTCGTGtAA GTAAAAAAGA GGGATTAATT AAAATCGAAT AATGaCATAT	1080
45	CACaGCAAAT AGTTCITTTA AAGTAGTTAA ATAGTTTTAG CTTTAAGGAA aTGATAAaTG	1140
	ATTGTwaATT CTAGCTAAAA TTTAATAAAA TGAAAATAAG ACTAACATGG AGGGGTAAAA	1200
	GTAATGACAA ATGGATATAT TGGTTCTTAC ACTAAAAAGA ATGGTAAAGG GATTTATCGT	1260
50	TTTGAATTAA ACGAAAATCA GTCACGTATT GATTTATTAG AAACAGGATT TGAATTAGAA	1320
	GCGTCTACAT ATTTGGTGCG TAATAATGAA GTTTTATATG GAATCAACAA AGAAGGAGAA	1380

TGT TTGTCTT CAAAAGCTGG TACAGGTTGT TATGTATCGA TTTCAGAAGA TAAACGATAT 1500
 TTATTTGAAG CGGTATATGG TGCTGGCATC ATACGTATGT ATGAATTAAA TACGCACACA 1560
 5 GGTGAAATTA TACGTCTAAT TCAAGAACTT GCACATGATT TTCCAACAGG TACACATGAA 1620
 AGACAAGATC ATCCACACGC ACATTATATT AATCAAATC CAGATGGTAA GTACGTTGCA 1680
 GTAACAGATT TAGGTGCTGA TCGTATCGTT ACTTATAAAT TTGATGACAA CGGGTTTGAA 1740
 10 TTTTATAAAG AATCTTTATT TAAAGATAGT GATGGGACAA GACATATTGA ATTTCATGAT 1800
 AATGGAAAAT TTGCTTATGT CGTACACGAA TTATCAAATA CTGTGAGTGT TGCAGAATAT 1860
 AATGACGGTA AATTTGAAGA GCTCGAGCGT CATTTAACAA TTCCTGAAAA CTTTGATGGA 1920
 15 GATACTAAAC TTGCAGCAGT GCGTTTATCT CATGaTCAAC AATTCTTATA TGTATCTAAT 1980
 AGAGGGCATG ATAGCATTGC AATTTTAAA GTTCTTGATA ATGGTCAACA CTTAGAACTA 2040
 20 GTAACAaTTA CTGAAaGTGG TGGTCAATTC CCAAGAGATT TTAATATTGC CTCATCAGAT 2100
 GACCyTTTAG TTTgTGCTCA kGaGCaAGGA GATTCAGTTG TAACTGTTTT CGAAAGAAAT 2160
 AAAGAAACAG GTAAAATTAC GCTATGTGAT AACACTCGTG TAGCATCTGA AGGTGTATGT 2220
 25 GTCATATTTT AATCTTTAAT TAATCATGAT AAAAAGAAAA CCATGTTTCC AAAAAATTTG 2280
 TGTATACCTT GAAATTTATT GnTTCCAGn ACATCAATTA TGGGAAGCAT GGnTTATTTT 2340
 TGT 2343

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 158:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4837 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 158:

AAATTGCCAG TTGGTATCGC TTCTGGTGCA GTAGTCGAAG GTTCTTTCCA AGGTATCATT 60
 CCGATTGGCT ATATCGTTAT GATGGCAGTA TTGTTATACA AAATTACTGT TGAATCTGGA 120
 45 CAATTTTTAA CAATTCAAGA TAGTATTACA AATATTTTAC AAGACCAACG TATTCAAGTT 180
 TTACTTATTG GATTTGCATT CAACGCATTT TTAGAAGGTG CAGCAGGATT TGGTGTACCA 240
 ATTGCAATTT GTGCACTTTT ATTAACACAA TTAGGATTTA ATCCATTAAA AGCTGCGATG 300
 50 TTATGTTTAG TCGCAAATGC AGCGTCTGGT GCTTTTGGTG CGATTGGTAT CCCTGTAGGT 360
 GTTGTAGAAA CGTTGAAATT ACCTGGAGAT GTTTCAGTAT TAGGTGTTTC TCAATCAGCA 420

55

	GGTTTTAGAG GTGTTAAAGA AACATTACCA GCAATTTTAG TAGTTTCAAT CACTTATACA	540
	CTTACTCAAG GATTATTAAC TGTATTCAGT GGACCTGAAT TAGCAGATAT TATTCCACCG	600
5	TTATTAACAA TGTTAGCATT AGCAGTATTT TCTAAAAAAT TCCAACCAAA ACACATTTAT	660
	CGTGTTAATA AAGATGAAGA AATTGAACCT GCAAAAGCAC ATTCTGCAAA AGCAGTATTA	720
	CATGCATGGA GCCCATTCAT TGTATTAACA GTCATTGTAA TGATTTGGAG TCGGCCATTC	780
10	TTTAAAAACT TATTCTTACC AAATGGTGCT TTATCATCAT TAGTATTTAA ATTCAACTTA	840
	CCTGGaACAA TCAGCGAAGT TACGCATAAA CCATTAGTAT TGACTTTAAA TATTATTGGA	900
	CAACAGGTA CAGCTATTTT ATTAACTATT ATTATTACAA TTTTAATGTC TAAAAAGGTT	960
15	AACTTTAAAG ATGCAGGTAG ATTATTCGGC GTTACATTTA AAGAGTTGTG GTTACCAGTT	1020
	CTTACAATTT GTTTCATCTT AGCAATTTCT AAAATCACAA CTTATGGTGG TTTAAGTGCA	1080
20	GCAATGGGTC AAGGTATTGC TAAAGCAGGT AATGTCTTCC CAGTTCTATC ACCAATTTTA	1140
	GGTTGGATAG GTGTGTTTAT GACAGGATCA GTTGTAATA ACAACTCATT ATTTGCACCA	1200
	ATTCAAGCTT CTGTTGCACA ACAAAATTGA ACAAGTGGTT CACTTCTGT ATCTGCTAAT	1260
25	ACAGTTGGTG GTGTAGCGGC AAAATTGATT TCACCACAAT CAATTGCAAT TGCAACTGCA	1320
	GCAGTAAAC AAGTTGGTAA GGAATCAGAA TTATTA AAAA TGACATTGAA ATACAGTGTA	1380
	TGTTTACTAA TATTCATCTG TATTGGACT TTCATCTTGT CATTATTATA AAAAAACGTA	1440
30	TTTCAAATA TAAATATACA GAAGGTGAGA TGTTTTCTAA CATCTCATCT TTTTTTTATG	1500
	GATCATTAAAT GAAAGAAGTT TGACATTATA ATAATGGTAG CGCTTTATGT TAAATGAAT	1560
	AGTGAGTAAT CAGCAATCAA ATTAAATTGG TTGATAGCTG TTAAGGTTTG TGGTTTTGTC	1620
35	TTTGTGCTAT CGCnCATAAA GTATATAATT AAAGTAGTTT CGTTATTATA AAATATTAAT	1680
	ATACATAGTA GATAGTAATA GAGCATCACC ATGGGAACCT ATTGAGACAC TTATTGATTT	1740
	AAAGTGGTAT TAATATGTCG TATTTCTCGA ACGTTCCATT ATTCATTTTA AAAAGGGGGA	1800
40	CTGTATTTGT TATGACAACA CAACATAGCA AAACAGATGT CATCTTAATT GGTGGCGGTA	1860
	TTATGAGTGC aCATTAGGAA CATTACTTAA AGAATTATCA CCTGAGAAAA ATATTAAAGT	1920
45	GTTTGAAAAA TTAGCACAAC CTGGCGAAGA GAGTTCAAAT GTATGGAATA ATGCCGGTAC	1980
	AGGGCATTCA GCACTTTGCG AGTTGAACTA TACAAAAGAA GGTAAGGATG GCACAGTTGA	2040
	TTGTAGTAAA GCAATTAAGA TAAATGAGCA GTACCAAATT TCAAAACAGT TTTGGGCATA	2100
50	TTTAGTTAAA ACAGGACAAT TAGATAACCC AGATCGCTTT ATTCAAGCGG TGCCACACAT	2160
	GAGTTTTGTC ATTGGCGAAG ATAATGTAGC TTTTATAAAA AGTCGTGTTG CAACGTTAAT	2220

EP 0 786 519 A2

	GGTACCGTTA ATGATTGAAG GTCGTAAGTC TGATGAACCA ATTGCTTTAA CTTATGATGA	2340
	AACTGGTACa gATGTTAACT TTGGTGCGTT AACTGCAAAG TTATTTGATA ATTTAGAGCA	2400
5	ACGTGGTGTG GGAATTCAAT ATAAGCAGAA TGTATTAGAC ATCAAGAAAC AGAAATCTGG	2460
	GGTATGGCTA GTTAAAGTTA AAGATTTAGA AACTAATGAA ACGACAACAT ATGAATCTGA	2520
	TTTGTATTTT ATTGGTGCTG GCGGTGCGAG TTTACCATTa CTCCAAAAGA CTGGGATTAA	2580
10	ACAATCAAAA CATATTGGTG GTTTCCCGGT AAGTGGATTA TTCCTGCGCT GTACAAATCA	2640
	AGAAGTGATT GATCGTCATC ATGCTAAAGT GTACGGA AAA GCAGCAGTGG GTGCGCCACC	2700
	AATGTCAGTG CCGCACTTAG ATACACGTTT TGTAGACGGC AAGCGTTCAT TGTATTTTGG	2760
15	TCCATTTGCA GGTCTCTCAC CTAAATTTTT AAAACAGGT TCACATATGG ATTTAATTAA	2820
	ATCGGTTAAA CCAAATAATA TCGTGACGAT GTTATCTGCA GGTATCAAAG AAATGAGTCT	2880
20	TACGAAGTAT TTAGTGTCAC AATTGATGTT ATCTAATGAT GAGCGTATGG ATGATTTAAG	2940
	AGTCTTTTTT CCAATGCTA AAAATGAAGA TTGGGAAGTG ATTACAGCAG GGCAACGTGT	3000
	CCAAGTAATC AAGGATACTG AGGATTCTAA AGGTAACCTA CAATTGGTA CTGAAGTTAT	3060
25	TACGTCAGAT GATGGCACAT TAGTGCATT ACTTGGTGCA TCACCTGGTG CGTCAACAGC	3120
	TGTAGATATT ATGTTTGATG TTTTACAGAG ATGCTATCGT GATGAATTCA AAGGATGGGA	3180
	ACCAAAGATT AAAGAAATGG TGCCGTCATT TGGTTATCGC tTAACAGATC ATGAGGATTT	3240
30	ATATCATAAA ATTAATGAAG AAGTAACTAA GTATTTACAA GTTAAATAAT AAACGAAACG	3300
	GTAATGTCTT TTTTAATGTG ATAGACATTA CCGTTTTTTA GTGGTTAATA AAAATCATTT	3360
	TAATTGTTTC AGTTGCTTGT TAATAGTGTC TACGTAGTTC TTGTTTTTAA AGAATTGAAT	3420
35	TATCCAAATT AATACATAAA CCACAATGAA GATAATTGTG AATATGATTA GATAATGCAC	3480
	TGTTAGTGGA AACCAACCGG CAAGCATTGC TAAAGGCAAG AATCCGACAT ACGTTGTTAT	3540
	GAAATGCATT ATAGTTGCTT TAGTAATGCT CCAATCTGTG TATTTAAAGA TAAAATCTCC	3600
40	AAGGAAAAAG ACGACGCCTA TGAGTAACCA TAAAATGATA GAAATCAACA TTACGGTAGT	3660
	TTCTGTGAAA TCGGTATAAT ACAATATGCC AATAGTTGAT TGTGGGTTCA GTGGATAATA	3720
45	TTTGCCGTCT GCAAATAACA TACTAAAGAA CAGTGAAAGG GACAAACCAA TGATTAAGCT	3780
	AATAAATAAT GAGTTTTTCA AATTTTTCAT ATTGATAAGC GCTCCTTTAT AGATTTTAAA	3840
	TAACGTCTAG AAGAATAGGT GTAGTGTCAT TCTTTAAGAT ACATACGTAT AAGTCCATTT	3900
50	GGCTCTAATA ATAATTTTTT AATGTAATAC TTGTTGACGA TTTCTGATTT GGAAATGCGA	3960
	ATGAAATGTT GTGGTAACTG TTTTCTAGT TCATAAAGTC GTAATTTTAG TTTGAATTTT	4020

55

EP 0 786 519 A2

ACATTAATGA TATGGATTTT TTTGTCTATG TATCCGACTA ATGTATGTGA TTTGTCTAAA 4140
 TCATTGACTG CATTAAATAAT ACTTTGAACG TTATCATTCA TTTTAGGTGC ATGTATATCA 4200
 5 ATATAAGATT CCGTCTCATT TGCATTGATA AATAAATTGA GTTTCATCAT AGGTTAATGC 4260
 CTCCTTCAAA ATTATTAAAC CATAAATGAC CATCGATATA TTAAATTTT GTTGAATGGT 4320
 AGAAATTAAA TGTTAAGTGG CTAGAAAGCG CTAATCAATA TAAAAGATAC CTCCTGAAAT 4380
 10 AAAAAACAGAA ATGTTTTTTT AGGAGGTAGA GATTAAAGTG AATTATTTGG CAGTGTAATA 4440
 GTAAAGGTGG TTACATACTC GTTACTTTGT GTGAATTGGA TTGTACCATG ATGCAATTCA 4500
 ATGATGGATT TTGTAATTGC AAGACCTAAA CCATTGCTAT TATCATGTTT GCTCACTTTA 4560
 15 TAAAAACGTT CAAATAAACG TGCTTCAGCT TGTGGACTAA TTGGTGAACC ATCATTACTT 4620
 ATTGTGAAAA TGATATTGTT GTGACTATGT TGCAAAGCGA TGTCAATGGC ACCACCAACA 4680
 TCTGTATACT TAATAGCATT TATTAATAAA TTAATCAATG CTTGATGTAA CAAACGTTGA 4740
 20 TTTCTAGGA AATTGATGAT TCTAGGTCAG CTAANATGAT TAACGACTTT TCATCAGCAG 4800
 CAAATTGTTT ATGTCGAATG ATATCTTTAA TGAGCTG 4837

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 159:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1600 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 159:

35 ACAATTATTG GATTATTATC AAGCAACGTT AATGGATGAC TTCCACTTAC AACAGAAATG 60
 CCCATAGATT CTAAATCTTT TGCATGAGCA TCTTGTGATA AGTCTTTTCC ATCATTGACA 120
 40 GTTACATTGG CACCTAATTT ACTTAATAAT TTAGCTGCTT CATAACCACT TTTTGCCAAA 180
 CCGACAACCT ATACATTTTT ATTTTCTAAC CCTGTATAAT TAAGCATCTT AATGCACTCC 240
 AATCCATAAA CCGATTAAAC CTGAAATCAG ACCAACAGCC CAAAATACTG TAACTACTTT 300
 45 CCATTCGCTC CATCCTATCA ATTCAAAATG ATGATGAATC GGACTCATTT TAAATATACG 360
 CTTTCCAGTC AATTTAAAGC TAGCGACTTG TAACATAACA GATAATGTTT CAATTACGAA 420
 TACTAAACCT ATAAAAATTA ATGATAATTC CTGATTAAGC ATGATTGAAA TGGTAGCAAA 480
 50 TATACCACCT AAAGCTAAGC TACCTGTATC TCCCATAAAC ACTTTAGCAG GGTTAATGTT 540
 ATATGGTAAA AATCCTAAAA GTGCAAACAA CATAATGATA CAGAAAATAC CAATTGCCGT 600

55

TGCTAATCCA TCTAAACCAT CTGTTAAATT TACTGCATTA GAAAAACCTA CTTGCCAAAA 720
 AACAAATGAAA ATAACATATG CAAATGATAG TGGGATTGCT ACATTTCGTAA ATGGAATATG 780
 5 TATGCTCGTA GAAAAATTCA CCAAATGAAA CACATTACTT AAAACAAAGA ATATAATCGC 840
 AATACCAATT TGCGCCAAAA ACTTCTGTTT ACTTGTTAAA CCTTGTTTAT TCTTTTTAAC 900
 AACAAATAATA TAATCATCTA TAAAACCAAT TAACCCAAAA CCAATCGTCA CAAATAATAA 960
 10 CAGTATGATT GGATTAGCTT GATCTACAAA TATAATAGCC ACCAAAGACG TTATCACAAT 1020
 ACTTAATAGA AATGTTAGTC CACCCATCGT TGGTGTACCA GTCTTCTTCA TATGGCTTTG 1080
 TGGACCTTCT TCTCGAATAC TTTGACCAA TTTTCATCCTT TTTAATGTAG GTATTAAAC 1140
 15 AGGTACCAA ACAAATGTAA TCACTAGCGC TAATAACGCA TATACAAAA TCATAACTAT 1200
 CTCCTCTTCT TAATCCAGAC TTTTTTAACC ACTAATATAT TATCAATTTT TCAATTAAAT 1260
 20 AAACAAAGTT GTAATCAAAA TTTATAATTT TTCTTTTTTA CGGCATAAGA GGCCAGTATA 1320
 AAAAGTTTGC CTATAACAAA CAAGTTAATC TGACCTCGTC TACCTTAAAA TTCTCTATCA 1380
 ACACTTATTT ATAAAGATTA AATGAAGATG TTGTTTTCTA TCACAGCATT ACTTTAGTAA 1440
 25 AAACAAATAG TGACAATACA TCCTAATTTA ATGTAGCCAT TCTTGTTAGT CCGACTTATC 1500
 CTGTGCAGTT TTAATGTCAG ATTTCTCTTT ATCATCTGAA TTTGAATCAG AATTATTCGT 1560
 CGAATTGCTG TCTACATTCT CTGGATGGAA AATTCTACGT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 160:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1186 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 160:

ATTGCCTTTG TTTTAATTTT AAATCAAAAT mGCCTATGAA AGATTTAAAT CAATTAATTT 60
 CTATAATATT ATCATTTTTA AAGCATATCA TTGTTTAGTT TTTTATAAT TGGATAAATA 120
 45 CTAATAGTTA CTTTATAAAA CATTACATAG AGAAAGGTTA AGGAGTGCAC ATGTCGAAAA 180
 AGGATCACTC TTCTTCAAAA TACCTTAATT CTGTTAAGGA AGCGCAAGAG GAGTCAAAAA 240
 AGAAAAATAA AAGTAATCCC AAAATTGATG TTGATCGTAC ATATATTGAA CCTCAACAAT 300
 50 TCCAATCTAA GAAACCTAAA AAAGATGATC AGGTTTTCTT CTTATCAAGA TTAAATAAAC 360
 CTGCAAAATA TAAGAAAGAC TCTAATTTCT TATCATATCT CATCTATCGC ATAGGAAAG 420

EP 0 786 519 A2

5
 10
 15
 20

TGTTGCTTTT	CCTATTAACA	TTATTACCAT	TTTTCAATAT	TAAGCAGAGT	CAAATTACTA	540
ATATGTTAAG	CAATGCACCC	GCTGAAACAT	CTACTCTAAT	TAAGAGTGTA	ATTGGTGATA	600
TAAC TCAAAA	CTCCAGTGGT	GGCTTATTAT	CTATCGGTTT	GATTTTAGCA	ATTTGGTCAG	660
CITCAAATGG	AATGACTGCA	ATTATGAATT	CTTTCAATGT	TGCTTACGAT	GTAGAAGATA	720
GCCGTAATGG	AATCGTATTA	AAACTACTAA	GTGTTGTCTT	CACTGTAGTT	ATGGGCGTTG	780
TGTTTG TAGT	TGCTCTAGCA	TTACCAACGC	TTGGTTCTGT	AATTAGTCAT	TTCCTATTCTG	840
GTCCACTTGG	ATTTGACGAA	CAAGTGAAAT	GGATTTTTTAA	CCTTATTAGA	ATTGTGTTAC	900
CAATCATTAT	TATATTTATC	ATATTTATCG	TGTTATATTC	GGTTGCACCT	AACGT TAAAA	960
CGAAGCTTAA	GTCAGTATTA	CCAGGTGCAG	TATTTACTTC	AATTATTGG	TTAGCTGGTT	1020
CATTTGGTTT	TGGTTGGTAT	ATTTCAAATT	TTGGTAACTA	TTCTAAAACA	TATGGCAGTA	1080
TCGCGGGTAT	CATCATTTTG	TTACTATGGT	TATATATCAC	AAGTTTTATT	ATAATTGTCG	1140
GnGCTGAAAT	CAATGCAATC	ATTCATCAGC	GTAGTGTAAT	TAAAGG		1186

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 161:

25
 30

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7872 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 161:

35
 40
 45
 50
 55

TCTTGAGCCA	TCTTTTGAGC	TAAGTACTA	GATTGATACC	CAAAAATCAT	AGTTACCAAC	60
ATAAACTTTA	ATTTTACCGA	AGTCTAAATC	AGCGATATGA	GTACATACAT	TATTTAAGAA	120
ATGACGGTCA	TGCGATACTA	CGATAACAGT	ATTATCAAAG	TTAATTAAGA	AATCTTCTAA	180
CCAACTGATT	GCTGGAATAT	CGAGACCGTT	AGTAGGCTCA	TCCAGTAATA	GTACGTCTGG	240
TTCAACCGAAT	AAACTTTGCG	CTAATAATAC	TTTAATTTTT	TGGTTGTTTT	CTAATTCAGC	300
CATTTTTTTA	TCGTGTAAAG	TTGGATCGAT	ACCTAAACCA	GATAAAAGGT	TAGCAGCATC	360
AGCTTCAGCA	TTCCAACCAT	TCATTTCTGC	AAATTCACCT	TCAAGTTCAG	CAGCACGGAT	420
ACCATCTTCA	TCACTGAAAT	CTGGCTTCAT	ATAGATTTCA	TCTTTTTCTT	TCATAACCTC	480
ATAAAGACGT	TCGTGACCTT	TAATTACAAC	ATCAAGCACG	CGTTCATCTT	CATAAGCATA	540
GTGGTCCTGT	TTTAAACAG	CTAGACGTTT	ATTTTCCCT	AATGAAACAT	GTCCTGTTTG	600
AGAATCTAAT	TCACCAGATA	ATATTTTTAA	GAATGTTGAT	TTACCTGCAC	CATTTCGACC	660

EP 0 786 519 A2

	ATCTCCAAAA	CGTAAACTCA	CATCAGTTAC	TTGTAACATG	CATTTTCTCC	TTTTTTTCAT	780
	TCGATATTCT	AACGGAAGAA	TTATATCATA	TTATCGTCAC	AGTTTCGACC	TCATATAAGT	840
5	TGTAATGATA	GAATGACTCA	CACATGTTAT	AATAATAAAG	AATACAAGAA	TCGAAGGAGA	900
	ATAACATGGC	ATTAGACAAA	GATATAGTAG	GTTCTATAGA	ATTCTTGAA	GTAGTAGGGT	960
	TACAAGGTTT	AACTTACCTT	TTAAAAGGAC	CAAACGGTGA	AAACGTAAAG	TTAAACCAAT	1020
10	CAGAAATGAA	CGATGATGAT	GAATTAGAAG	TAGGTGAAGA	ATATAGTTTC	TTCATTTATC	1080
	CAAACCGTTC	AGGTGAATTA	TTTGCAACTC	AAAATATGCC	TGATATTACG	AAAGATAAAT	1140
15	ATGACTTTGC	TAAAGTACTT	AAAACGGATC	GCGATGGGGC	ACGTATAGAT	GTTGGATTAC	1200
	CCCGTGAAGT	GTTAGTACCA	TGGGAAGATT	TACCAAAAGT	GAAATCACTA	TGGCCACAAC	1260
	CTGGTGATTA	TTGCTAGTT	ACATTACGAA	TTGACCGTGA	GAATCATATG	TATGGACGTT	1320
20	TAGCGAGTGA	ATCTGTTGTA	GAAAATATGT	TTACACCTGT	ACACGACGAT	AATTTAAAAA	1380
	ACGAaGTCAT	TGAAGCCAAA	CCTTACCGCG	TATTACGAAT	TGGTAGCTTT	TTATTAAGCG	1440
	AATCAGGTTA	CAAAATTTTC	GTACATGAAT	CAGAACGTAA	AGCTGAACCA	AGATTAGGTG	1500
25	AATCTGTTCA	AGTTAGAATT	ATCGGGCATA	ATGATAAAGG	TGAGTTAAAT	GGTTCATTTT	1560
	TACCACTTGC	ACATGAACGT	TTAGACGATG	ACGGCCAAGT	CATCTTTGAT	TTACTAGTTG	1620
	AATATGATGG	TGAATTACCA	TTCTGGGACA	AATCAAGCCC	TGAAGCGATT	AAAGAAGTAT	1680
30	TCAATATGAG	TAAAGGTTCA	TTCAAACGTG	CAATCGGTCA	CTTATATAAA	CAGAAGATTA	1740
	TTAATATAGA	AACAGGTAAA	ATCGCTTTAA	CTAAAAAAGG	TTGGAGTCGA	ATGGACTCAA	1800
	AAGAATAATC	ATTTTTACAC	GTGTCGTAGG	ATGCGTGTTC	TTTTTATTCA	ATATTAAATC	1860
35	GGACAGATGA	AGTAGTTTTT	TAAACATTCC	TTTCAAAGTA	AAAAATTAAA	TAATTCAAAC	1920
	GAATAGGCTG	GgaCATTAAg	TTCTTAGGCA	ATGTAAAAAA	GCTGATTTCT	ATTAATTATT	1980
	TGATGGAAAT	CAGCTTTTTT	GATATGTATT	TTATAATGTA	CAGCTCGTTG	AGCTGCTATT	2040
40	TTCCTTATAT	TAAGTGCCAT	TAATACAAAA	CCTAGCTCTC	GTTTAACTTT	ATTTATTCCT	2100
	CGAACTGACA	TTGAGTGAA	aCCCAAAATA	GCCTTCATAA	ATCCAAAAAC	AGGCTCTACA	2160
45	TAAATTTTTT	TATGACTATA	GATTTTTTTC	GTTTCTGGTT	CAGAAAGCTT	TTGaTTAATT	2220
	TGGGCTTTAA	TGTATTTCAA	AGTAAAATTA	CATGTTAATA	CGTAGTATTA	ATGGCGAGAC	2280
	TCCTGAGGGA	GCAGTGCCAG	TCGAAGACAG	GGGCCCCAAC	ACAGAAGcTG	ACATATAGTC	2340
50	AGCTTACAAC	AATGTGCCGG	TTGGGGTGGC	TGAGACGGCA	CCCTAGGAAG	GGACCCGTCA	2400
	TCAAAAATTC	TATTTATAGA	ATTTTACAGT	AATGTGACAG	ACGGGCAAAG	CGAAgCCATT	2460

55

EP 0 786 519 A2

	CTTACTGCTG TTTTTTAGG GATTTATGTC CCAGCCATTT TTGTATTCAT ATTTAAATTT	2580
	CGATAATTTT TCAGGAAGCA TTTTAATTTT ACTAATGAAG CAATATTTT TAGATTAACA	2640
5	AAAATTAATA TTTACATTTT CTTAACAATT TTTTATGTAA CATTTCAGT TTCTAAAAAT	2700
	GAGGTAAATA ATTCAAGGTT AAGATAAAGA TGTAATCAAT ACAAATACTA TTTGTTGTTT	2760
	ATACAGGGAG GATATTTCAA TGA AAAAATG GCAATTTGTT GGTACTACAG CTTTAGGTGC	2820
10	AACACTATTA TTAGGTGCTT GTGGTGGCGG TAATGGTGGC AGTGGTAATA GTGATTTAAA	2880
	AGGGGAAGCT AAAGGTGATG GCTCATCAAC AGTAGCACCA ATTGTGGAGA AATTAAATGA	2940
15	AAAATGGGCT CAAGATCACT CGGATGCTAA AATCTCAGCA GGACAAGCTG GTACAGGTGC	3000
	TGGTTTCCAA AAATTCATTG CAGGAGATAT CGACTTCGCT GATGCTTCTA GACCAATTAA	3060
	AGATGAAGAG AAGCAAAAAT TACAAGATAA GAATATCAAA TACAAAGAAT TCAAAATTGC	3120
20	GCAAGATGGT GTAACGGTTG CTGTAAATAA AGAAAATGAT TTTGTAGATG AATTAGACAA	3180
	ACAGCAATTA AAAGCAATTT ATTCTGGAAA AGCTAAAACA TGGAAAGATG TTAATAGTAA	3240
	ATGGCCAGAT AAAAAATAA ATGCTGTATC ACCAACTCA AGTCATGGTA CTTATGACTT	3300
25	CTTTGAAAAT GAAGTAATGA ATAAAGAAGA TATTAAAGCA GAAAAAATG CTGATACAAA	3360
	TGCTATCGTT TCTTCTGTAA CGAAAAACAA AGAGGGAATC GGATACTTTG GATATAACTT	3420
	CTACGTACAA AATAAAGATA AATTAAAAGA AGTTAAAATC AAAGATGAAA ATGGTAAAGC	3480
30	AACAGAGCCT ACGAAAAAAA CAATTCAAGA TAACTCTTAT GCATTAAGTA GACCATTATT	3540
	CATTTATGTA AATGAAAAAG CATTGAAAGA TAATAAGTA ATGTCAGAAT TTATCAAATT	3600
	CGTCTTAGAA GATAAAGGTA AAGCAGCTGA AGAAGCTGGA TATGTAGCAG CACCAGAGAA	3660
35	AACATACAAA TCACAATTAG ATGATTTAAA AGCATTATTAT GATAAAAATC AAAAATCAGA	3720
	CGACAAGAAA TCTGATGATA AAAAGTCTGA AGACAAAAAA TAATAAGACG CAATTTCAAA	3780
40	TGTGTCTTGA AACATGATTT TGATGGTGAA TCATTATTTA GAGTACAAAG CTTGATTTAT	3840
	CGAGACGCTG ATTTTGACAT TCAGTTAGTC TACAAGCTTA TCAACTTAAA ATAGTGGTTC	3900
	ATCATTATTT TACAAATCTA ATTATTTTGG GAGTAATAGA AAGAGGTTTG ATTATGACTT	3960
45	CATCTACTAA TGTAAAGCT TTAATCGAAA AAAATAATAA TAAAAAAGGA AAGCATAATG	4020
	ACAAAATTAT ACCAGTTATT TTAGCCGCAA TTTCAGCGAT TTCCATTTTA ACAACACTAG	4080
	GTATATTAAT CACATTGCTT TTAGAAACCA TCACTTTTTT CACCAGAATT CCAATAACTG	4140
50	AATTTCTATT TTCTACTACT TGGAATCCTA CCGGTCAGA CCCTAAGTTT GGTATCTGGG	4200
	CATTGATAAT AGGGACTTTA AAAATCACAG TTATTGCGAC TATATTTGCA GTTCCAGTCG	4260

55

	AACCGATATT AGAAATTTTA GCAGGAATAC CAACAATTGT GTTTGGTTTC TTTGCATTAA	4380
	CCTTTGTTAC ACCAGTATTA AGATCTTTCA TACCAGGTCT TGGAGAGTTT AATGCTATAA	4440
5	GTCCCGGCTT AGTTGTCGGT ATTATGATTG TCCCTCTCAT CACAAGTTTG AGTGAGGaTG	4500
	CAATGGCAtC TGTACCAAAT AAAATTTCGAG AAGGTGCCTA TGGACTTGGA GCAACTAAAT	4560
	TAGAAGTAGC AACTAAAGTC GTACTTCCCG CAGCAACATC AGGTATTGTA GCTTCAATCG	4620
10	TTCTCGCGAT TTCAAGAGCA ATTGGAGAAA CGATGATTGT ATCATTAGCG GCAGGTAGTT	4680
	CGCCAACAGC TTCATTAAGT TTAACAAGTT CGATTCAAAC AATGACTGGA TATATTGTTG	4740
15	AGATAGCGAC AGGTGATGCA ACATTTGGAT CAAATATTTA TTACAGTATT TATGCTGTAG	4800
	GGTTCACACT ATTTATCTTT ACCTTAATCA TGAATTTACT TTCTCAGTGG ATTTCTAAGC	4860
	GTTTTAGGGA GGAGTATTAA TATGGAAACG ACAGATAATA ATAGACAATC ACTCGTCGAT	4920
20	CAACAACCTG TCCAAAAACA TTTATCATCC AGAACGGTTA AAAATAAAGT GTTCAAACCTC	4980
	ATATTTTTAG CATGTACATT ATTAGGACTT GTCGTACTTA TTGCGTTGTT AACTCAAACA	5040
	TTGATTAAAG GGGTAAGTCA TTAAATTTA CAGTTTTTCA CTAATTTTTC TTCTTCAACA	5100
25	CCATCTATGG CTGGCGTTAA AGGCGCGTTA ATCGGTTCAC TTTGGTTAAT GTTAAGTATC	5160
	ATTCCATTAT CAATCATCCT AGGAATAGGT ACAGCTATAT ACTTAGAAGA ATATGCGAAA	5220
	AACAACAAAT TTAATCAGTT TGTAAAAATC AGTATTTCCA ATTTAGCTGG TGTACCATCA	5280
30	GTGTATTATG GGTATTAGG TTATACTTTG TTCGTTGGTG GTGCAGGGAT TGAAGCCTTG	5340
	AAAATGGGTA ACAGTATATT GGCAGCAGCG CTAACAATGA CCTTACTGAT ATTACCAATT	5400
	ATTATTGTTT CAAGTCAGGA AGCAATTAGA GCTGTACCTA ACTCAGTACG CGAACTTcTT	5460
35	ACGGCTTAGG TGCTAATAAA TGGCAAACGA TAAGACGTGT TGTCTTACCA GCAGCGTTAC	5520
	CTGGTATTTT AACTGGATTc ATTTTGTCTC TTTCAAGAGC ACTGGGAGAA ACAGCGCCAC	5580
40	TTGTGCTAAT CGGTATACCG ACTATATTAT TGGCAACACC TAGAAGTATA TTGGATCAAT	5640
	TTTCAGCATT ACCTATCCAA ATATTTACTT GGGCGAAAAT GCCTCAAGAA GAATTCCAGA	5700
	ATGTTGCATC GGCAGGCATT ATCGTTTTAC TAGTTATCTT AATCTTAATG AATGGCGTTG	5760
45	CGATTATTTT ACGTAACAAA TTTAGTAAAA AATTCTAATT TAAACAATCA ATCTCATTTA	5820
	TCTATTAAAA AGGGAGTTTT AAATATGGCG CAAACACTTG CACAAACTAA ACAAAATATCT	5880
	CAAAGTCATA CGTTTGATGT CTCACAAAGT CATCATAAAA CACCAGATGA TACAAACTCA	5940
50	CATTCTGTTA TATATTCAAC AAAAAATTTA GACTTATGGT ATGGCGAAAA TCATGCATTA	6000
	CAAAATATTA ATTTAGATAT TTATGAAAAC CAAATTACTG CCATTATAGG TCCATCTGGT	6060
55		

EP 0 786 519 A2

AAAACAGCTG GTAAAATATT ATATCGAGAT CAAGACATT TTGATCAAAA ATATTCTAAA 6180
 GAACAATTAC GTACAAATGT GGGCATGGTC TTTCAACAAC CTAATCCATT TCCAAAATCA 6240
 5 ATATACGATA ATATTACTTA CGGTCCAAAG ATTACCGGTA TTAATAATAA AAAAGTTCTT 6300
 GATGAAATCG TTGAGAAATC ATTACGTGGC GCTGCAATTT GGGATGAATT AAAGGATAGG 6360
 TtGCACACAA ATGCATATAG TTTATCCGGT GGGCAACAAC AACGTGTTTG TATCGCGCGT 6420
 10 TGTTTAGCAA TTGAACCTGA AGTCATTTTA ATGGATGAAC CGACATCAGC ATTAGATCCA 6480
 ATCTCAACAT TAAGAGTAGA AGAGTTGGTT CAAGAACTAA AAGAAAAGTA TACAATTATT 6540
 ATGGTtACAC ATAATATGCA ACAAGCAGCT CGTGTATCAG ATAAACTGC ATTTTCTT 6600
 15 AATGGTTATG TCAATGAATA TGATGATACT GATAAAATTT TCTCTAACCC ATCAAACAAG 6660
 AAAACAGAAG ATTATATTTT AGGAAGGTTT GGTGATATA TAATGGCAAT AATTAGACAA 6720
 CGATATCAGG AGCAACTTGA TGATTAAATA AAAGAATTAC GTCGGTTAGG TGCaAATGTC 6780
 20 TATGTAGTA TTGaAAATGG TATAAAAtCA TTAAGTATTG aCGATAGAGG cTTGCACGA 6840
 CAAACAGTTA AAAACGATAA ACATATCAAT CAATTAAAT ATGATATTAA TGAGCGAGTT 6900
 25 ATCATGTTAA TTACAAAGCA ACAGCCCAT GCGAGTGATT TGCATATGAT GATTTCTTCA 6960
 TTAATAATCG CCTCCGATTT AGAAAGAATA GGAGATAATG CCTCGAGTAT TGCCAATATT 7020
 CGATTGCGTA CAAAGATTAC AGATGATTAT GTGTTAACCC GTTTAAAGAC AATGGGTAAA 7080
 30 TTAGCTATGT TAATGTTAAA GGACTTAGAT CAAGCATTTA AAAAGAAAGA TACCGTATTA 7140
 ATAAGAGAAA TAATTGAGCG TGATGAAGAT ATCGATGACT TATATAGTCA TATTATTAAC 7200
 GCAACGTATC TTATTGATAA CGtCCATTTG TCGCTGCACA AGCTCATTTA GCAGCAAGAC 7260
 35 ATTTAGAACG TATTGGTGAT CATATTATTA ACATCGCTGA AAGTGTTTAT TTTTATTAA 7320
 CAGGTACACA TTACGAACAA TAACTTAAAG TTATTACTAT AAAATCCCTT ACGATAAATA 7380
 TATATTTCTA TTATTCATAA ACCCTCAAAA AAACCAAGAT TCTCACAATT AGTAATGTGA 7440
 40 AAATCTTGGT TTATATTGTT CTACTATAAA TTGTCTCGCA TCTTAGTTAT TTGCTTGCTC 7500
 AATTTCATCT GTTAATTTTT CAACttCATC GACTAAATCA GAAATATATT GAATTGTAGA 7560
 TTTAAGTGGC TGTTCTGTAG TAATGTCTAC ACCTGCAATG TTTGCAAGTT CGACAGGTGA 7620
 45 TACACTACCA CCTTTTTTCA ATGTTTCTAA CCAAGCATCA ACAGCTGGTT GGCCTTCATT 7680
 TTTAATCTTT TGAGAAACGA CAGTTCCGAT TGTTAAGCCA GCAGAATACG TATACGAATA 7740
 50 TAATCCCATA TAGTAATGAG GTTGACGCAT CCATGTTAAT TCAGCACCTT CAGTCATGTC 7800
 TACTGCATCT CCAAAAAAATT GTTTATAAAC ATTTAGCATT ATTTCAATTA ATGtnCGGCG 7860

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 162:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 162:

```

TTTTTCTTT TCTTCATTG AAAATTGATC ATTCAGCAAT ATAAGCGTAT TTGTTAATGA      60
TTTAGGTGTT CCAATTTTCAT AATCCCACCA ATTTAAGTTG GTATTCTTGC CAGTTGTTTT      120
AGTAAATTC TCACTTAATT CTTTACTTT TTTATCTGGT TCTTTTCCAT ATGCATTTTT      180
ATGCAGCCAC TCAAGGGCAT CTTTCACTTT CTTCCTATTT TCGTCAGTAT TTAAAGTGGT      240
TTTAGGATTC CTCATCGCTT CTGCGATTTT CTCAATATTA CGATAGGTAC GAGTCATATG      300
AGAAGAATTA GTTCAAGGG TTTCCGCTCC TGACCACAAG TATTTCTTAC CACTTTCAGT      360
TTTCATTTC TTGAGTAAAT TCGTCGCCTC TTTCTCTGTA GCATCAAAC TCTTCTTCAT      420
ATCTGGATTA TTCTCATCAT ACTTATCATA ACCATAGTTA ACGTCCAGCC ATGTGTTCTT      480
CAATTTTICA TAATCTGGCG TTTGAACATT CGTATCAGCC ACAGCGATTT GATGTTTATC      540
AACACTTCTG AATTCACCAC CATTCAAAGT AATCACACCA GCCATTAATA ACGTAATGGT      600
GGATAATTTT TGCCATTTCT TTATTCTATA TGTCATTGac ATGTCTCCTT TTGTGTTGC      660
GCGTGCGCAA TGAATATTAT GATTAAATAA TGATTCAATT TTTCAAAT CGTTAACGTA      720
TACAAATGAC TGCTACTGT CAAACAATCC ACAAAGAATG TTGATGtCAT ATaACAATC      780
GATCACCCAA ATTTTCCG                                     798

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 163:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5132 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 163:

```

TACAGGTTTT ACTATAATGG ATGGTATTTT GGCTAAACGA CATTGTTTGA GTCTTCTTTT      60
TTTnACTTCC TAnATTTACA ATGGTATAAA TAATAATGCT ATATTTAGAA TGATGAGTAT      120
ACTTACTGAA ACTAAATTAA AAGTGTCTGG TTCTTTACTA AAGATAGCTG CTATCCTTGC      180

```

EP 0 786 519 A2

	AATACAAGTT CCAATGAGCG CAATTAAAAG TACTAACCCA ACGATGAAAC TCTGTTTGTC	300
	ACTTAACTCA AAGAACTAT AGATAGGATA TTTTAAATA ATCAAGCCAC CTAAAATCAT	360
5	CCATAAAAT ACGATAATTC CATAAGTCAC ATTTATAACA TACGTTATTT TTTGGTCACC	420
	AAATCGGACT AATGTATTTT GTAGAATCAG CATACCAATG ACAACACCTA AAATAACGAT	480
	ACTAGCTATA TAAAGTAAAA ATGCAATTGT CACATCAAAT GTACCCAAAT CTAAAAACCT	540
10	AGGAATTAYa AyGACTGCTA AAATAAAAGC GAAGyACAAA GTAATATAkT TATACAAACC	600
	GGTAGTAAGA CTTATCTCAG GTGATAATTG ATCAGCCATT GACTTAATCG GTGTATTAAT	660
	AATTGAACTT GTATCTTCGT TATTTTTTTC AGCCATAGTT AAATGATCTT CGAGCTCTTC	720
15	CAATAACTCT TCTACTTCTG CTTCACTCTT ACCTCTAAAT AACCAATTCAA CACGTAATTT	780
	TTCTAAAAAA TCTTGAGATT GTTACTTAA CATCGTTTTT CCCTCCAAAC AAGTTAATCA	840
20	TCCCTTTATT CAAACTTGC CATTTGATT TAAATACTTT TAGTTCCTTT AAACCTGAAT	900
	CGGTAATCGT ATAGTATTTT CGCCTCGGGC CGCCATTACT AGATTTTTTT ATTGTCGTAT	960
	CAACGTATCC TTTTTGTTT AAACGCATTA AACTGGATA AATACTACCC TCACTTATCT	1020
25	CTGGAAATC TTGATTCTTA AGTTTCGTCA TAATTTTATA TCCATACGTT TCGCCTTGGG	1080
	CAATGAGACC TAATATCGCC CCATCTAAGA GACCTTTCAT AATCTGATCT GACACTGACA	1140
	TTTTAATCAC CTACTATCTT ACATAATAAG ATAGTACATT GAGAACTTTT CGTCAACTAT	1200
30	CTTTTATTGT AAGGTAGTTG TTGTACACAT TCCTTAAATG ACTAACAAC TGTTAATAG	1260
	GGTAATACTT ACGGAAGTAT ATTTTATTTA TGGGGGAGGA ATTAATAATG ACTACAAAA	1320
	CAGTATTTGA TGTCATTGAT ATGGGGTTAG GATATTTAGT AAATGTGTAT GATGCTTGA	1380
35	AAGTTGAAAA GGTACTTGAT GATTATCATA AGCCTTTTTT TAATACCATT CATTGGCAAT	1440
	TTGGtCATGT ATTAACAATT TTTGAATCGG CCTTAGCTGT TGCTGGTAAA GAGAATATTG	1500
	ATTTAAATAT CTATAGACCT TTATTCGGAA ATGGTTCGTC TCCAGATGAA TGGAAGGATG	1560
40	AAGTACCGAG TATTGAAAGG ATTTTAGAAG GTCTCCAAAC TTTACCTGAA CGTGCACGAA	1620
	ATCTAACTGA AGATGATTTA GCAATTGAAT TGAAACAGCC AATTGTGGT TGTAATAACT	1680
45	TAGAAGAGTT ATTAGTATTA AATGCCATTC ACATCCCACT TCATGCTGGT AAAATTGAAG	1740
	AGATGTCTCG TATATTAAAA AATTTAAAAT AAATATGTGC TTATTAACCG TTAACAACAC	1800
	GTTAACGGgT TTTTATTTG TTTAAAAGGT CACTTTTTTG AATTTAATAA ACACCATCTA	1860
50	TACCAATTCT TCACCGATTC TCGAAAAATA ATTATATTAA TGATTCGTT AATTTAATTT	1920
	TATATTTAAT TATTACTGTA CATCTTTTGT AGTTAGCTTT ATTCTTAAAT TGAAATATGT	1980

55

EP 0 786 519 A2

	TACTCCCTAT CGTTGTAGGT CTCCTTATTT GGGCACTTAC ACCTTTTAAA CCGGATGCTG	2100
	TGGATCCAAC AGCATGGTAT ATGTTTCGCA TATTCGTGCG GACAATCATT GCTTGTATTA	2160
5	CACAACCGAT GCCAATTGGG GCCGTCTCTA TAATTGGATT TACAATCATG GTACTCGTTG	2220
	GCATTGTTGA CATGAAAACG GCTGTCGCTG GTTTTGGTAA TAATAGCATT TGGTTAATTG	2280
	CTATGGCATT TTTCAATTCG AGAGGATTG TGAAAACAGG TCTTGGTAGA CGTATCGCAC	2340
10	TTCAATTCGT CAAATTATTT GGTAACAAAA CATTAGGATT AGCATATTCT ATCGTCGGTG	2400
	TAGATTTAAT TCTAGCGCCT GCTACACCAA GTAATACCGC GCGTGTGGT GGAATCATGT	2460
	TCCCAATTAT CAAATCACTT TCTGAATCAT TTGGTTCGAA ACCGAAAGAC GGATCAGCAC	2520
15	GCAAAATGGG TGCATTTCTT GTTTTCACAG AATTCCAAGG TAATTTAATT ACTGCGGCTA	2580
	TGTTTTTAAC TGCAATGGCC GGTAACCCCC TTGCACAAAA TTTAGCATCT AGCACATCTA	2640
20	ATGTTACAT TACATGGATG AATTGGTTTC TAGTGCTTTT AGTTCCTGGA CTTGTTTCTT	2700
	TAATTGTTGT ACCTTTTATT ATTTATAAAA TTTATCCACC AACTGTTAAA GAAACACCAA	2760
	ATGCTAAGAG TTGGGCTGAA AATGAATTAG CGACTATGGG TAAAATCGCT TTAGCTGAAA	2820
25	AATTTATGAT TGGTATTTTT GTCGTTGCGT TAACACTATG GATTGTCGGA AGTTTCATTC	2880
	ATATTGATGC AACTTTAACG GCCTTTATTG CGCTAGcATT gTTATTATTG ACAGGCGTCT	2940
	TAACATGGCA AGACATTTTA AACGAAACAG GTGCTTGGA CACATTAGTA TGGTTCTCAG	3000
30	TATTAGTGT AATGGCCGAC CAATTAAACA AGCTTGGATT TATTCCTTGG TTAAGTAAAT	3060
	CCATTGCTAC AAGTCTTGGT GGCTTAAGCT GGCCTATAGT CCTGGTCATT TTAATATTGT	3120
	TCTACTTCTA TTCACATTAC TTATTTGCAA GTTCTACAGC ACATATCAGT GCGATGTATG	3180
35	CAGCATTACT AGgCGTTGCC ATCGCAGCCG GTGCACCACC ATTATTCAGT GCATTAATGT	3240
	TAGGTTTCTT CGGTAACCTA TTAGCTTCAA CAACACACTA TAGTAGTGGT CCAGCGCCGA	3300
40	TTCTATTCTC TTCAGGTTAC GTGACTCAAA AACGTTGGTG GACAATGAAC TTAATATTAG	3360
	GTTTCGTCTA CTTTATTATC TGGATTGGTT TAGGATCACT TTGGATGAAA GTAATTGGTA	3420
	TATTTTAAAA TATTTAAATT AGCGCTCGAA TCTCATTGAT TTGGGCGCTT TTTAATTGT	3480
45	ATTTAAAATC AACCTTTGCT AAATCAAGAC TCCCTTTTTA AAATACGTTT ATCCTTTAAA	3540
	TCATTGCGTG CTTCACTGAA AATTTGTATA AAGATTAAAG TCATTACGTA ACATCACATA	3600
	AAATACATTT CTATACTATT CCGCTTCATT GATTAAACATT ACGTATGCC TCATAAATCA	3660
50	TCATACAAAA AACACCTTCG TTTAAATTCA TTTTAATTGC GAATTCAACG AAAGTGCCTT	3720
	ATTCATATT TAATGTTTCA AATTTATACG TCTGTCACTG TTAGTGCACA CATACCTCAG	3780

55

EP 0 786 519 A2

	TTATAGGGTT TTTGCGACCG GATGTTTCTT CAATTTAATG TATTGAGAAA GACTATATAA	3900
	CACAATACCT GTCCAAATAA ATATAAACGT AATTAATTGA TCTATACTAA AAGGCTCTTT	3960
5	GAAAACAAAT ATGCCGAGTA CAAACATTAT TGTGGGTCCA ACGTATTGAA TAAATCCTAT	4020
	TAGCGAAAGT GGAATACGTT TTGCCCCGGC TGAGAATAGG ATTAGTGGTA TTGCCGTAAT	4080
	AGCACCAGAA AATAACAACC AAAATGATGA CATGTTCAAT CCAAATGACA TCTGATGTTG	4140
10	CTGCCATAAA TAAATAACGT ATATTAGTCC AGCAGGTGCG GTAACAATAC ATTCAATCGT	4200
	AATACTGCTG ATGGCATCAA TATGTACTAC TTTTTCAT AATCCGTATG TACCAAAGGA	4260
	TAACGCTAAT ATAATAGAGA CGATTGGGAA TTCTCCAATC TTGAGCGTCA TATATAATAC	4320
15	ACCGATGAAT GCGAATAAAA TGGCTAGCCA TTCAAATTTA TTGAATCTTT CTTTTAAAAA	4380
	GATAAGTGCG AGCAAAATGC TAACAAGTGG ATTTATATAA TAACCTAAAC TTGTTTGTAG	4440
20	GACGTGACCG TTCGTTACAG CCCAAATAAA TGTACCCCAA TTTAATGTAA TGACATAGCC	4500
	TGCTACGACA ATCGCTAATA GCTGAATGGG CTTGCCTAAC AATTGATTCA TATCTCGTTG	4560
	AAATGCATTG CGTTGTTTTT GTCCAACCGC GAGTATGAAA ATCATGAATA TTGCTGAAAA	4620
25	TATAATACGA AAGGCTAAAA TTTCAAATGC GCCTATTGCA TCAACGAACT GCCAATATAT	4680
	AGGTAGTATT CCCACAGAA TGTATGCACT GAGTGCTAAA AATATGCCTT TTTTATACTC	4740
	TGAATTCACC TTCAAACCTC CTTACTTTCC TAATTTTTAA TTTACTGCAT ACGCTCACTT	4800
30	GGTTATGCTA ATATAACGAT TTTACTAATA ATATTTGAT AAAGATATCA TTTTGTTTAT	4860
	ATTTCCACA TTTATTCACC AACCCTAAA CAATATTAAT TTTATAAATA ATTCTGTACA	4920
	AATCAGGGTA TATTGCCAGA AAGACTACCA TACAACATAA AGGATGGATA CAAATGACTT	4980
35	TACCTAAAT TGGAAAGCCT GCAACACGCG CGCTAAATC ACAAGGTATA TACACATTAG	5040
	AAGCAGTATC ACAATATACG AAGTCATCTC TAATGGAGAT GCATGGCGTT GGTCTTAAAG	5100
40	CTATATCAAT ATTGGAACAA GCTTTATTTC AG	5132

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 164:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 22243 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 164:

AAGTAAATTA TATTATGAAT TTGCCTGTCA ATTTCTTAAA GACATTCTTA CCGGAACATA	60
---	----

EP 0 786 519 A2

	TAGAAGCAAT TAATAATGCy mAAGAAAAGA CAGCTAATAA TACCGGCTTA AAATTAATAT	180
	TTGCAATTAA TTATGGTGGC AGAGCAGAAC TTGTTTCATAG TATTAAAAAT ATGTTTGACG	240
5	AGCTTCATCA ACAAGGTTTA AATAGTGATA TCATAGATGA AACATATATA AACAAATCATT	300
	TAATGACAAA AGACTATCCT GATCCAGAGT TGTTAATTCG TACTTCAGGA GAACAAAGAA	360
	TAAGTAATTT CTTGATTTGG CAAGTTTCGT ATAGTGAATT TATCTTTAAT CAAAAATTAT	420
10	GGCCTGACTT TGACGAAGAT GAATTAATTA AATGTATAAA AATTTATCAG TCACGTCAA	480
	GACGCTTTGG CGGATTGAGT GAGGAGTAGT ATAGTATGAA AGTTAGAACG CTGACAGCTA	540
15	TTATTGCCTT AATCGTATTC TTGCCTATCT TGTAAAAGG CGGCCTTG TG TTAATGATAT	600
	TTGCTAATAT ATTAGCATTG ATTGCATTAA AAGAATTGTT GAATATGAAT ATGATTAAAT	660
	TTGTTTCAGT TCCTGGTTTA ATTAGTGCAG TTGGTCTTAT CATCATTATG TTGCCACAAC	720
20	ATGCAGGGCC ATGGGTACAA GTAATTCAAT TAAAAAGTTT AATTGCAATG AGCTTTATTG	780
	TATTAAGTTA TACTGTCTTA TCTAAAAACA GATTTAGTTT TATGGATGCT GCATTTTGCT	840
	TAATGTCTGT GGCTTATGTA GGCATGGT TTATGTTCTT TTATGAAACG AGATCAGAAG	900
25	GATTACATTA CATATTATAT GCCTTTTTAA TTGTTTGGCT TACAGATACA GGGGCTTACT	960
	TGTTTGTTAA AATGATGGGT AAACATAAGC TTTGGCCAGT AATAAGTCCG AATAAAACAA	1020
	TCGAAGGATT CATAGGTGGC TTGTTCTGTA GTTTGATAGT ACCACTTGCA ATGTTATATT	1080
30	TTGTAGATTT CAATATGAAT GTATGGATAT TACTTGGAGT GACATTGATT TTAAGTTTAT	1140
	TTGGTCAATT AGGTGATTTA GTGGAATCAG GATTTAAGCG TCATTTCCGC GTTAAAGACT	1200
	CAGGTGCAAT ACTACCTGGA CACGGTGGTA TTTTAGACCG ATTTGACAGC TTTATGTTTG	1260
35	TGTTACCATT ATTAAATATT TTATTAATAC AATCTTAATG CTGAGAACAA ATCAATAAAC	1320
	GTAAGAGGA GTTGCTGAGA TAATTTAATG AATCTCAGAA CTCCTTTTGA AAATTATACG	1380
40	CAATATTAAC TTTGAAAATT ATACGCAATA TTAACCTTGA AAATTAGACG TTATATTTTG	1440
	TGATTTGTCA GTATCATATT ATAATGACTT ATGTTACGTA TACAGCAATC ATTTTAAAA	1500
	TAAAAGAAAT TTATAAACAA TCGAGGTGTA GCGAGTGAGC TATTTAGTTA CAATAATTGC	1560
45	ATTTATTATT GTTTTTGGTG TACTAGTAAC TGTTTCATGAA TATGGCCATA TGTTTTTTGC	1620
	GAAAAGAGCA GGCATTATGT GTCCAGAATT TGCGATCGGT ATGGGGCCAA AAATTTTATG	1680
	TTTTAGAAAA AATGAAACAC TTTACACTAT TAGGTTATTG CCTGTTGGTG GATATGTTTG	1740
50	TATGGCAGGA GATGGCTTAG AAGAGCCACC AGTCGAGCCC GGTATGAACG TTAAAATTAA	1800
	ACTTAATGAA GAAATGAAA TAACACATAT CATATTAGAT GATCATCATA AGTTTCAACA	1860

55

EP 0 786 519 A2

	CACTGCTTAT GATAATGAAA GACATCATTT TAAATTTGCT AGAAAGTCTT TCTTTGTTGA	1980
	AAATGGTAGC TTAGTTCAAA TTGCTCCGAG AGACAGACAA TTTGCACATA AAAAGCCATG	2040
5	GCCGAAATTT TTAACATTAT TTGCGGGACC GTTATTTAAC TTTATATTAG CTTTAGTCCT	2100
	ATTTATTGGT CTTGCATATT ATCaAGGcAC GCcTACGTCT ACTGTAGAAC AAGTCGCAGA	2160
	TAAGTATCCA GCTCAACAAG CAGGATTACA AAAAGGTGAT AAGATCGTCC AAATTGGCAA	2220
10	ATATAAAATA TCTGAATTTG ATGATGTTGA TAAGGCGTTA GATAAAGTTA AAGATAATAA	2280
	GACGACTGTT AAATTTGAAC GTGATGGTAA AACAAAGTCA GTTGAATTAA CACCTAAAAA	2340
15	GACTGAAAAA AAAGTACTA AAGTAAGTTC AGAGACGAAG TATGTTCTCG GATTCCAACC	2400
	AGCGAGTGAA CATACTTTT TTAAACCAAT TGTATTCGGA TTTAAAGCT TTTTAATCGG	2460
	TAGTACTTAT ATTTTACAG CTGTAGTAGG TATGTTGGCT AGTATATTTA CGGGCGGATT	2520
20	CTCATTTGAT ATGTTAAATG GTCCGGTTGG TATTTATCAT AACGTCGACT CAGTTGTTAA	2580
	AGCGGGTATC ATTAGCTTAA TTGGTtncAC TGCGTTATTA AGTGTAAGT TAGGTATTAT	2640
	GAATTTAATT CCTATTCCTG CACTAGACGG TGGTCGTATT TTATTTGTTA TATATGAAGC	2700
25	GATTTTCAGA AAACCAGTTA ATAAAAAGC GGAAACAACG ATTATTGCTA TTGGTGCCAT	2760
	TTTCATGGTC GTTATAATGA TATTAGTAAC GTGGAATGAT ATTCGACGAT ATTTCTTATA	2820
	ATTTAGGAGG ATAAATAATT ATGAAGCAAT CCAAAGTTTT TATACCAACG ATGCGTGACG	2880
30	TGCCATCAGA AGCAGAAGCA CAAAGTCATC GTTTATTATT GAAATCGGGT TTGATAAAAC	2940
	AAAGTACAAG TGGGATTTAT AGTTATTTAC CGCTAGCAAC ACGTGTGTTA AATAATATTA	3000
35	CTGCAATTGT GCGACAAGAA ATGGAACGTA TCGATTCTGT TGAAATTTTA ATGCCAGCGT	3060
	TACAACAAGC TGAATTATGG GAAGAATCAG GACGTTGGGG TGCATATGGC CCAGAATTAA	3120
	TGCCTTTACA AGATAGaCAT GGAAGaCAAT TTgCATTAGG TCCaACACAT GAAGAATTAG	3180
40	TTACATCAAT AGTAAGAAAT GAATTGAAAT CATACAAACA ATTACCGATG ACATTATTCC	3240
	aAATTCAATC TAAATTCCGT GATGAAAAGA GACCACGTTT TGGTTTayTC GTGGGCGTGA	3300
	ATTTATTATG AAAGATGCAT ATTCATTCCA TGCTGACGAG GCATCATTAG ATCAAACGTA	3360
45	TCAAGATATG TATCAAGCGT ATAGCCGTAT TTTTGAGAGA GTTGGCATTa ACGCAAGACC	3420
	AGTAGTTGCA GATTCAGGTG CTATAGGCGG TAGCCATaCA CATGAATTTA TGGCATTAAg	3480
	TGCTATCGGT GAGGATACAA TCGTTTACAG TAAAGAAAGT GATTATGCTG CTAACATCGA	3540
50	AAAAGCAGAA GTCGTTTACG ArcCAaATcA TaAGCATACT ACTGTGCAAC CTTTAGAAAA	3600
	AATTGAAACA CCAATGTTA AGACTGCGCA AGAATTGGCA GACTTCTTAG GTAGACCAGT	3660
55		

	GCGTGGCCAT	CATGAAATTA	ATGACATTAA	ATTAAAATCT	TATTTGCGCA	CAGATAATAT	3780
	TGAATTAGCA	ACACAAGACG	AAATTGTAA	TTTAGTTGGT	GCAAATCCTG	GTTCACTAGG	3840
5	TCCTGTAATT	GATAAAGAAA	TCAAAATTTA	TGCAGATAAT	TTTGTGCAAG	ATTTAAATAA	3900
	TTTAGTTGTC	GGTGCTAACG	AAGATGGTTA	TCACTTAATT	AATGTAAATG	TAGGTAGAGA	3960
	CTTCAACGTT	GATGAATATG	GCGATTTCGG	TTTTATTTTA	GAAGGCGAAA	AGTTAAGTGA	4020
10	TGTTTCAGGC	GTTGCACATT	TTGCTGAAGG	TATTGAAGTT	GGTCAAGTAT	TCAAATTGGG	4080
	TACTAAGTAT	TCAGAATCAA	TGAATGCTAC	ATTCTTAGAT	AACCAAGGAA	AAGCTCAATC	4140
	TTTAATTATG	GGTTGTTACG	GAATTGGAAT	TTCTAGAACG	CTAAGTGCGA	TTGTTGAACA	4200
15	AAATCACGAT	GATAATGGAA	TTGTTTGGCC	TAAATCAGTT	ACTCCGTTTG	ATTTACATTT	4260
	AATTTCTATT	AATCCTAAGA	AAGATGATCA	ACGAGAACTA	GCAGATGCAC	TATATGCTGA	4320
	ATTTAATACT	AAATTTGATG	TGTTGTACGA	TGATCGTCAG	GAACGTGCAG	GTGTTAAATT	4380
20	TAATGATGCC	GATTTAATTG	GTTTACCACT	GCGAATTGTT	GTTGGTAAAC	GTGCATCGGA	4440
	AGGTATTGTA	GAAGTTAAAG	AACGTTTAAC	AGGTGATAGC	GAAGAAGTTC	ACATTGATGA	4500
25	CTTAATGACT	GTCATTACAA	ATAAATATGA	TAACTTAAAA	TAATTAAGAT	CGAATGAATT	4560
	ATAAGAGTAG	GAAAAAGCTG	AAAGAAATCT	GATGCTTATG	TCCTGCTCTT	ATTATTTTTG	4620
	ATATAATGAT	TATTCGATGA	AAAATGACTG	AAGACATAGT	ATAATTAAAG	ATAAATTTGT	4680
30	TTTAACAATA	TAATGATTAG	CCAAATATAA	AGCATTTAAT	TTTCTATCAT	TACTATGCTC	4740
	ACATAATCTA	AATATTGTTC	GAACACGTAA	AAGTAATTTT	TATTTAAGGT	GGTAATTGTC	4800
	TTGGCAATGA	CAGAGCAACA	AAAATTTAAA	GTGCTTGCTG	ATCAAATTAA	AATTTCAAAT	4860
35	CAATTAGATG	CTGAAATTTT	AAATTCAGGT	GAACGTGACAC	GTATAGATGT	TTCTAACAAA	4920
	AACAGAACAT	GGGAATTTCA	TATTACATTA	CCACAATTCT	TAGCTCATGA	AGATTATTTA	4980
	TTATTTATAA	ATGCAATAGA	GCAAGAGTTT	AAAGATATCG	CCAACGTTAC	ATGTCGTTTT	5040
40	ACGGTAACAA	ATGGCACGAA	TCAAGATGAA	CATGCAATTA	AATACTTTGG	GCACTGTATT	5100
	GACCAAACAG	CTTTATCTCC	AAAAGTTAAA	GGTCAATTGA	AACAGAAAAA	GCTTATTATG	5160
	TCTGGAAGAG	TATTAAAAGT	AATGGTATCA	AATGACATTG	AACGTAATCA	TTTTGATAAG	5220
45	GCATGTAATG	GAAGTCTTAT	CAAAGCGTTT	AGAAATTGTG	GTTTTGATAT	CGATAAAATC	5280
	ATATTCGAAA	CAAATGATAA	TGATCAAGAA	CAAACTTAG	CTTCTTTAGA	AgCACaTATT	5340
50	CAAGAAGAAG	ACGAACAAAG	TGCACGATTG	GCAACAGAGA	AACTTGAAAA	AATGAAAGCT	5400
	GAAAAAGCGA	AACAACAAGA	TAACAACGAA	AGTGCTGTCTG	ATAAGTGTC	AATTGGTAAG	5460

55

EP 0 786 519 A2

	GCAATAGAGG GTGTCAATTTT TGATATAAAC TTAAAAGAAC TTAAAAGTGG TCGCCATATC	5580
	GTAGAAATTA AAGTGACTGA CTATACGGAC TCTTTAGTTT TAAAAATGTT TACTCGTAAA	5640
5	AACAAAGATG ATTTAGAACA TTTTAAAGCG CTAAGTGTTG GTAAATGGGT TAGGGCTCAA	5700
	GGTCGTATTG AAGAAGATAC ATTTATTAGA GATTTAGTTA TGATGATGTC TGATATTGAA	5760
	GAGATTAAAA AAGCGACAAA AAAAGATAAG GCTGAAGAAA AGCGTGTAGA ATTCCACTTG	5820
10	CATACTGCAA TGAGCCAAAT GGATGGTATA CCCAATATTG GTGCGTATGT TAAACAGGCA	5880
	GCAGACTGGG GACATCCAGC CATTGCGGTT ACAGACCATA ATGTTGTGCA AGCATTTCCTA	5940
	GATGCTCAGC CAGCAGCGGA AAAACATGGC ATTAATAATGA TATACGGTAT GGAAGGTATG	6000
15	TTAGTTGATG ATGGTGTTCC GATTGCATAC AAACCACAAG ATGTCGTATT AAAAGATGCT	6060
	ACTTATGTTG TGTTCCAGCT TGAGACAAC TGGTTTATCAA ATCAGTATGA TAAAATCATC	6120
	GAGCTTGCA GCTGTGAAAGT TCATAACGGT GAAATCATCG ATAAGTTTGA AAGGTTTAGT	6180
20	AATCCGCATG AACGATTATC GGAAACGATT ATCAATTTGA CGCATATTAC TGATGATATG	6240
	TTAGTAGATG CCCCTGAGAT TGAAGAAGTA CTTACAGAGT TTAAAGAATG GGTGGCGAT	6300
25	GCGATATTCG TAGCGCATAA TGCTTCGTTT GATATGGGCT TCATCGATAC GGGATATGAA	6360
	CGTCTTGGGT TTGGACCATC AACGAATGGT GTTATCGATA CTTTAGAATT ATCTCGTACG	6420
	ATTAATACTG AATATGGTAA ACATGGTTTG AATTTCTTGG CTAAAAATA TGGCGTAGAA	6480
30	TTAACGCAAC ATCACCGTGC CATTTATGAT ACAGAAGCAA CAGCTTACAT TTTCATAAAA	6540
	ATGGTTCAAC AAATGAAAGA ATTAGGCGTA TTAAATCATA ACGAAATCAA CAAAAACTC	6600
	AGTAATGAAG ATGCATATAA ACGTGCAAGA CCTAGTCATG TCACATTAAT TGTACAAAAC	6660
35	CAACAAGGTC TTAAAAATCT ATTTAAATTT GTAAGTGCAT CATTGGTGAA GTATTTCTAC	6720
	CGTAACCTC GAATCCACG TTCATTGTTA GATGAATATC GTGAGGGATT ATTGGTAGGT	6780
	ACAGCGTGTG ATGAAGGTGA ATTATTTACG GCAGTTATGC AGAAGGACCA GAGTCAAGTT	6840
40	GAAAAAATTG CCAAATATTA TGATTTTATT GAAATTCAAC CACCGGCACT TTATCAAGAT	6900
	TTAATTGATA GAGAGCTTAT TAGAGATACT GAAACATTAC ATGAAATTTA TCAACGTTTA	6960
45	ATACATGCAG GTGACACAGC GGGTATACCT GTTATTGCGA CAGGAAATGC AACTATTTG	7020
	TTTGAACATG ATGGTATCGC ACGTAAATTT TTAATAGCAT CACAACCCGG CAATCCACTT	7080
	AATCGCTCAA CTTTACCGGA AGCACATTTT AGAACTACAG ATGAAATGTT AAACGAGTTT	7140
50	CATTTTTTAG GTGAAGAAAA AGCGCATGAA ATTGTTGTGA AAAATACAAA CGAATTAGCA	7200
	GATCGAATTG AACGTGTTGT TCCTATTAAA GATGAATTAT ACACACCGCG TATGGAAGGT	7260

55

EP 0 786 519 A2

	CTGCCTCAAA TCGTAATTGA TCGATTAGAA AAAGAATTAA AAAGTATTAT CGGTAATGGA	7380
	TTTGCGGTAA TTTACTTAAT TTCGCAACGT TTAGTTAAAA AATCATTAGA TGATGGATAC	7440
5	TTAGTTGGTT CCCGTGGTTC AGTAGGTTCT AGTTTTGTAG CGACAATGAC TGAGATTACT	7500
	GAAGTAAACC CGTTACCGCC AACTATATT TGTCCGAAC GTAAAACGAG TGAATTTTTC	7560
10	AATGATGGTT CAGTAGGATC AGGATTGAT TTACCTGATA AGACGTGTGA AACTTGTGGA	7620
	GCGCCACTTA TTAAAGAAGG ACAAGATATT CCGTTTGAAA CATTTTITAGG ATTTAAGGGA	7680
	GATAAAGTTC CTGATATCGA CTTAAACTTT AGTGGTGAAT ATCAACCGAA TGCCCATAC	7740
15	TACACAAAAG TATTATTTGG TGAGGATAAA GTATTCCGTG CAGGTACAAT TGGTACTGTT	7800
	GCTGAAAAGA CTGCTTTTGG TTATGTTAAA GGTATTITGA ATGATCAAGG TATCCACAAA	7860
	AGAGGTGCTG AAATAGATCG ACTCGTTAAA GGATGTACAG GTGTTAAACG TACAACCTGA	7920
20	CAGCATCCAG GGGGTATTAT TGTAAGTACCT GATTACATGG ATATTIATGA TTTTACGCCG	7980
	ATACAATATC CTGCCGATGA TCAAAATTCA GCATGGATGA CGACACATTT TGATTTCCAT	8040
	TCTATTCATG ATAATGTATT AAAACTTGAT ATACTTGGAC ACGATGATCC AACAATGATT	8100
25	CGTATGCTTC AAGATTTATC AGGAATTGAT CCAAAAACAA TACCTGTAGA TGATAAGAA	8160
	GTTATGCAGA TATTTAGTAC ACCTGAAAGT TTGGGTGTTA CTGAAGATGA AATTTTATGT	8220
	AAAACAGGTA CATTTGGGGT ACCAGAATTC GGTACAGGAT TCGTGCGTCA AATGTTAGAA	8280
30	GATACAAAGC CAACAACATT TTCTGAATTA GTTCAAATCT CAGGATTATC TCATGGTACA	8340
	GATGTGTGGT TAGGCAATGC TCAAGAATTA ATTAAAACCG GTATATGTGA TTTATCAAGT	8400
	GTAATTGGTT GTCGTGATGA TATCATGGTT TATTTAATGT ATGCTGGTTT AGAACCATCA	8460
35	ATGGCTTTTA AAATAATGGA GTCAGTACGT AAAGGTAAAG GTTTAACTGA AGAAATGATT	8520
	GAAAEGATGA AAGAAAATGA AGTGCCAGAT TGGTATTITAG ATTCATGTCT TAAAATTAAG	8580
	TACATGTTCC CTAAAGCCCA TGCAGCAGCA TACGTTTAA TGGCAGTACG TATCGCATAT	8640
40	TTCAAAGTAC ATCATCCACT TTATTACTAT GCATCTTACT TTACAATTCG TCGTCAGAC	8700
	TTTGATTTAA TCACGATGAT TAAAGATAAA ACAAGCATTG GAAATACTGT AAAAGACATG	8760
45	TATTCTCGCT ATATGGATCT AGGTAAAAA GAAAAGACG TATTAACAGT CTTGGAAATT	8820
	ATGAATGAAA TGGCGCATCG AGGTTATCGA ATGCAACCGA TTAGTTTAGA AAAGAGTCAG	8880
	GCGTTCGAAT TTATCATTGA AGGCGATACA CTTATCCGC CGTTCATATC AGTGCCTGGG	8940
50	CTTGGCGAAA ACGTTGCGAA ACGAATTGTT GAAGCTCGTG ACGATGGCCC ATTTTATCA	9000
	AAAGAAGATT TAAACAAAA AGCTGGATTA TCTCAGAAAA TTATTGAGTA TTTAGATGAG	9060

55

EP 0 786 519 A2

GAAATAATCA AGGTATTTAT TTAATGCGTA TGGCGTAGTC AAAGAAATAC AAAATTGTTG 9180
 CTGGACACAA AATTATGCCC GTATTTCTTT TCAATGTCTT ACGAGTCTAT TCAAATGTAA 9240
 5 TGGTGAATA AAGGAACAAA CTTTACAAAG AATCTCTGAT TAATAGTGAA GTCATTGTGTT 9300
 TCAAGCATAA ACTTATGCTA TAATTAAGTT GCTTAAAAAT TAGTGAATC AGGCAGAAGA 9360
 GTGGGAGATT CCCGCTCTTT TCTATTTGCC AAAAAGGGAG GCCTGTATGA GTAAAATTAC 9420
 10 AGAACAAGTA GAAGTGATTG TTAAACCAAT TATGGAAGAC TTGAATTTTG AACTTGTTAGA 9480
 CGTTGAATAT GTCAAAGAGG GTAGAGATCA TTTTCTTAGA ATCTCTATTG ATAAAGAAGG 9540
 TGGCGTAGAT TTAAATGATT GTACGCTAGC TTCTGAAAAA ATAAGTGAAG CTATGGATGC 9600
 15 AAATGATCCT ATTCCTGAAA TGTATTATTT AGACGTAGCG TCACCTGGTG CAGAACGTCC 9660
 AATTAAAAAA GAACAAGATT TCCAAAATGC AATAACTAAA CCTGTATTTG TTTCTTTATA 9720
 TGTACCAATT GAAGGTGAAA AGGAATGGTT AGGCATTTTA CAAGAAGTCA ATAATGAAAC 9780
 20 AATTGTAGTA CAAGTTAAAA TCAAAGCAAG AACGAAAGAT ATAGAGATAC CGAGAGACAA 9840
 AATAGCAAAA GCACGTCACG CAGTTATGAT TTAACGTGAT GAGGAGGAAA AAACGTGTCA 9900
 25 AGTAATGAAT TATTATTAGC TACTGAGTAT TTAGAAAAAG AAAAGAAGAT TCCTAGAGCA 9960
 GTATTAATTG ATGCTATTGA AGCAGCTTTA ATTACTGCAT ACAAAAAGAA TTATGATAGT 10020
 GCAAGAAATG TCCGTGTGGA ATTAAATATG GATCAAGGTA CTTTCAAAGT TATCGCTCGT 10080
 30 AAAGATGTTG TTGAAGAAGT ATTTGACGAC AGAGATGAAG TGGATTTAAG TACAGCGCTT 10140
 GTTAAAAACC CTGCATATGA AATTGGTGAT ATATACGAAG AAGATGTAAC ACCTAAAGAT 10200
 TTTGGTCGTG TAGGTGCTCA AGCAGCGAAA CAAGCAGTAA TGCAACGTCT TCGTGATGCT 10260
 35 GAACGTGAAA TTTTATTGTA AGAATTTATA GACAAAGAAG AAGACATACT TACTGGAATT 10320
 ATTGACCCTG TTGACCATCG TTATGTATAT GTGAATTTAG GTCGTATCGA AGCTGTTTTA 10380
 TCTGAAGCAG AAAGAAGTCC TAACGAAAAA TATATTCCTA ACGAACGTAT CAAAGTATAT 10440
 40 GTTAACAAAG TGGAACAAAC GACAAAAGGT CCTCAAATCT ATGTTTCTCG TAGCCATCCA 10500
 GGTTTATTAA AACGTTTATT TGAACAAGAA GTTCCAGAAA TTTACGATGG TACTGTAATT 10560
 GTTAAATCAG TAGCACGTGA AGCTGGCGAT CGCTCTAAAA TTAGTGTCTT CTCTGAAAAC 10620
 45 AATGATATAG ATGCTGTTGG TGCATGTGTT GGTGCTAAAG GCGCACGTGT TGAAGCTGTT 10680
 GTTGAAGAGC TAGGTGGTGA AAAAATCGAC ATCGTTCAAT GGAATGAAGA TCCAAAAGTA 10740
 50 TTTGTAAAAA ATGCTTTAAG CCCTTCTCAA GTTTTAGAAG TTATTGTTGA TGAAACAAAT 10800
 CAATCTACAG TAGTTGTTGT TCCTGATTAT CAATTGTCAT TAGCGATTGG TAAAAGAGGA 10860

55

EP 0 786 519 A2

	GATGCGCGTG AAGCGGGTAT CTATCCAGTA GTTGAAGCTG AAAAAGTAAC TGAAGAAGAT	10980
	GTTGCTTTAG AAGATGCTGA CACAACAGAA TCAACCGAAG AGGTAAATGA TGTTTCAGTT	11040
5	GAAACAAATG TAGAGAAAGA ATCTGAATAA TAGGTTGGAG TGAAGTATCT ATGAAAAAGA	11100
	AAAAAATTCG GATGCGAAAA TGTATTCTTT CAAATGAAAT GCATCCCAAA AAAGATATGA	11160
	TTCGTGTTGT TGTTAATAAA GAAGGCGAAA TCTTTGCGGA TGTTACTGGA AAGAAACAAG	11220
10	GCCGTGGCGC ATATGTTTCT AAAGATGTTG CTATGGTTGA AAAAGCACAA CAAAAAGAAA	11280
	TTTTAGAAAA ATATTTTAAA GCATCTAAAG AGCAATTGGA TCCTGTTTAC AAAGAAATTA	11340
	TTAGATTAAT TTATAGAGAA GAGATCCCAA AATGAGTATA GATCAAATAT TAACTTTTTT	11400
15	AGGATTAGCA ATGAGAGCTG GTAAAGTAAA AACAGGTGAA TCAGTCATTG TTAATGAGAT	11460
	TAAAAAGGA AATTTGAAGC TCGTTATTGT TGCAAATGAT GCGTCTGATA ATACAGCTAA	11520
20	ATTAATTACA GATAAATGTA AGAGTTACAA AGTTCCATTC AGAAAGTTTG GAAATCGAAA	11580
	TGAATTGGGA ATAGCACTTG GAAAAGGTGA GCGTGTTAAT GTAGGGATTA CTGACCCAGG	11640
	CTTTGCTAAA AAGTTGCTAT CAATGATAGA TGAATATCAT AAGGAGTGAT TATATGAGTA	11700
25	AACAAAGAAT TTACGAATAT GCGAAAGAAT TAAATCTAAA GAGTAAAGAG ATTATAGATG	11760
	AGTTAAAAAG CATGAATATT GAGGTTTCAA ATCATATGCA AGCTTTGGAA GATGACCAAA	11820
	TTAAAGCATT AGATAAAAAG TTCAAAAAG AACAAAAGAA CGACAATAAA CAAAGCACTC	11880
30	AAAATAATCA CAAAAATCA AACAAATCAA ACCAAAATAA AGGGCmACAA AAAGATAACA	11940
	AAAAGAATCm ACAACAAAAT AATAAAGGCA ACAAAGGCAA TAAAAAGAAT AATAGAAATa	12000
	ATAAGAAAAA TAACAAGAAT AATAAACCAC AAAATCAACC AGCTGCTCCA AAAGAAATAC	12060
35	CATCAAAGT GACATATCAA GAAGGTATTA CAGTAGGCGA ATTTGCGGAT AAATTAAATG	12120
	TTGAATCATC AGAAATTATC AAAAAATTAT TCTTACTTGG TATTGTTGCT AATATCAATC	12180
	AATCATTAAT TCAAGAAACA ATCGAATTAA TTGCCGATGA TTATGGCGTT GAGGTTGAAG	12240
40	AAGAAGTTGT GATTAATGAA GAAGACTTAT CAATCTATTT CGAAGACGAA AAAGATGATC	12300
	CAGAGGCAAT TGAGAGACCA GCAGTTGTAA CAATTATGGG ACATGTTGAC CATGGTAAAA	12360
	CGACTTTATT AGATTCAATT CGTCATACAA AAGTTACAGC AGGTGAAGCA GCGGAATCA	12420
45	CTCAACATAT TGGTGCATAT CAAATTGAAA ACGATGGCAA AAAAATCACT TTCTTAGATA	12480
	CACCGGGACA TGCTGCATTT ACAACGATGC GTGCGCGTGG TGCaCAAGTA ACAGATATTA	12540
50	CTATTTTAGT AGTAGCAGCT GACGATGGTG TTATGCCACA AACAATTGAA GCAATTAACC	12600
	ATGCTAAAGA AGCagAAGTA CCAATTATTG TTGCAGTAAA TAAAAATGAT AAACCAACTT	12660

55

EP 0 786 519 A2

	GCGGCGAAAC AATTtTCGTc CACTTTCTGC ATTAAGTGGT GATGGTATCG ACGATTATT	12780
	AGAAATGATA GGATTAGTTG CAGAAGTTCA AGAACTTAAA GCAAATCCTA AAAACCGTGC	12840
5	TGTTGGTACA GTTATCGAAG CTGAATTAGA TAAATCACGT GGTCTTCTG CATCATTATT	12900
	AGTACAAAAC GGTACATTAA ATGTTGGTGA TCGATTGTA GTTGGTAATA CTTACGGCCG	12960
	TATCCGTGCA ATGGTTAATG ACTTAGGTCA AAGAATCAAA ACGGCTGGTC CATCAACGCC	13020
10	TGTTGAAATT ACAGGTATTA ATGATGTGCC ACAAGCTGGG GATCGCTTTG TTGTATTTAG	13080
	TGATGAAAAA CAAGCTCGTC GTATTGGTGA ATCAAGACAC GAAGCTAGCA TTATACAACA	13140
	ACGTCAAGAA AGTAAAAATG TTTCAATTAGA TAACCTGTTT GAACAAATGA AACAAAGTGA	13200
15	AATGAAAGAT TTAACCGTTA TTATTAAAGG TGATGTTCAA GGTCTGTGTT AAGCTTTAGC	13260
	TGCATCATTa ATGAAAATTG ATGTTGAAGG CGTAAATGTT CGTATCATTc ATACAGCGGT	13320
20	TGGTGCAATT AATGAGTCAG ACGTGACACT TGCTAATGCC TCAAATGGTA TTATCATTGG	13380
	TTTCAATGTT CGTCCAGACA GTGGTGCAAA ACGTGCTGCA GAAGCTGAAA ATGTTGATAT	13440
	GCGTTTACAC AGAGTTATTT ATAATGTTAT CGAAGAAATT GAATCAGCGA TGAAAGGTTT	13500
25	ACTTGATCCA GAATTTGAAG AACAAAGTTAT CGGACAAGCT GAAGTTCGTC AAACATTCAA	13560
	AGTTTCTAAA GTTGGTACTA TTGCTGGATG TTATGTTACT GAAGGTAAAA TTACGCGAAA	13620
	TGCTGGTGTA CGTATTATTc GTGATGGTAT TGTTCAATAT GAAGGCGAAT TAGATACACT	13680
30	TAAACGTTTC AAAGATGATG CTAAGGAAGT TGCAAAAGGT TATGAATGTG GTATTACAAY	13740
	TGAAAACtAC AATGACCTTA AAGAAGGCGA TGTATCGAA GCATTTGAAA TGGTTGAAAT	13800
	TAAGCGTTAA TTAATAAAT TACAAGCTAA AAGTATAGTT AAGATTGATA TGCTCCCTAT	13860
35	AAATATTGCA CTTTTTAAGT GTCTACTTTA TAGGGAGCAT ATTTGATACT AGCTTTTGGT	13920
	TTTPTATTAG AATAGATTAC CTATTAAAAG TTACGTTATA TGGACATGAT TTTGTATAAA	13980
	ATTTTGTGGT GGCCTAGAAT GATTTTAAAT GACAAAATAT AATGTCGACT ATTATTGGAA	14040
40	AATTTTCTGT TGaAATGCCT ATCTTACGGC AAACTTTATT TGATTTTATA GGCTTAATTT	14100
	ATTAAAAATA CGTGTGAGCT AAAATAATTG TTTAAGCATT GTTACACTAA AAAATGCAAA	14160
45	TAACAATTGA ACTTAAAGAT AAAGAGGTGA CAAGAATGAG CAGTATGAGA GCAGAGCGTG	14220
	TTGGTGAACA AATGAAGAAG GAATTAATGG ATATCATCAA CAATAAAGTC AAAGATCCTC	14280
	GAGTTGGTTT TATTACAATT ACAGATGTTG TTTTAACAAA TGATTTATCG CAGGCTAAAG	14340
50	TATTTTAAAC TGTATTAGGT AACGATAAAG AAGTAGAAAA TACATTTAAA GCACTTGATA	14400
	AAGCAAAGG CTTCAATTAAG TCTGAATTAG GTTCTAGAAT GCGATTACGT ATTATGCCGG	14460

55

EP 0 786 519 A2

	AAGATTTACA CAAACAAGAT AGATAATTTA GTGTTAGGTA TCTGGAAAAT GTTTGATAAT	14580
	TTCTTAATAT CGGTATATTA ACATTAAACA GTTAATACAT AGATGTGTAG AAATAGTTAA	14640
5	CATTTTCCAG TTTTTTTATG AATAAATTTA GTTGATACGC TATTAAAATA TATTTTAAAA	14700
	AAGAAGGTGA CTATATGTAT AATGGGATAT TACCAGTATA TAAAGAGCGC GGTTTAACAA	14760
	GTCATGACGT TGTATTCAAA TTGCGTAAAA TATTAAAAAC TAAAAAATA GGTCAACCGG	14820
10	GTACGCTTGA TCCCGAAGTT GCAGGCGTGT TACCGGTATG TATAGGTAAT GCAACGAGAG	14880
	TTAGTGATTA TGTATGGAT ATGGGCAAAG CTTATGAAGC AACTGTATCG ATAGGAAGAA	14940
	GTACAACGAC TGAAGATCAA ACGGGTGATA CATTGGAAAC AAAAGGTGTA CACTCAGCAG	15000
15	ATTTTAATAA GGACGATATT GACCGATTGT TAGAAAGTTT TAAAGGTATC ATTGAACAAA	15060
	TTCCGCCGAT GTACTCATCC GTCAAAGTAA ATGGTAAAAA ATTATATGAA TATGCGCGTA	15120
20	ATAATGAAAC AGTTGAAAGA CCAAGCGTA AAGTTAATAT TAAAGACATT GGGCGTATAT	15180
	CTGAATTAGA TTTTAAAGAA AATGAGTGTC ATTTTAAAT ACGCGTCATC TGTGGTAAAG	15240
	GTACATATAT TAGAACGCTA GCAACTGATA TTGGTGTGAA ATTAGGCTTT CCGGCACATA	15300
25	TGTCGAAATT AACACGAATC GAGTCTGGTG GATTGTGTT GAAAGATAGC CTTACATTAG	15360
	AACAAATAAA AGAACTTCAT GAGCAGGATT CATTGCAAAA TAAATTGTTT CCTTTAGAAT	15420
	ATGGATTAAA GGGTTTGCCA AGCATTAAAA TTAAAGATTC GCACATAAAA AAACGTATTT	15480
30	TAAATGGGCA GAAATTTAAT AAAATGAAT TTGATAACAA AATTAAAGAC CAAATTGTAT	15540
	TTATTGATGA TGATTAGAA AAAGTATTAG CAATTTATAT GGTACACCCT ACAAAGAAT	15600
	CAGAAATTAA ACCTAAAAA GTCTTTAATT AAAGGAGATA GAATTTATGA AAGTCATAGA	15660
35	AGTGACACAT CCTATACAAT CTAAACAGTA TATTACAGAG GATGTTGCAA TGGCATTCCG	15720
	ATTTTTCGAT GGCATGCATA AAGGTCATGA CAAAGTCTTT GATATATTAA ACGAAATAGC	15780
	TGAGGCACGC AGTTTAAAAA AAGCGGTGAT GACATTTGAT CCGCATCCGT CTGTCGTGTT	15840
40	GAATCCTAAA AGAAAACGAA CAACGTATTT AACGCCACTT TCAGATAAAA TCGAAAAAAT	15900
	TAGCCAACAT GATATTGATT ATTGTATAGT GGTTAATTTT TCATCTAGGT TTGCTAATGT	15960
	GAGCGTAGAA GATTTTGTG AAAATTATAT AATTAAAAAT AATGTAAAAG AAGTCATTGC	16020
45	TGGTTTTGAT TTTACTTTTG GTAAATTTGG AAAAGGTAAT ATGACTGTAC TTCAAGAATA	16080
	TGATGCGTTT AATACGACAA TTGTGAGTAA ACAAGAAATT GAAAATGAAA AAATTTCTAC	16140
50	AACTTCTATT CGTCAAGATT TAATCAATGG TGAGTTGCAA AAAGCGAATG ATGCTTTAGG	16200
	CTATATATAT TCTATTAAAG KCACTGTAGT GCAAGGTGAA AAAAGGGGAA GAACTATTGG	16260

55

EP 0 786 519 A2

TGCTGTTAGT ATTGAAATCG GCACTGAAAA TAAATTATAT CGAGGGGTAG CTAACATAGG 16380
 5 TGTAAGCCA ACATTTTCATG ATCCTAACAA AGCAGAAGTT GTCATCGAAG TGAATATCTT 16440
 TGACTTTGAG GATAATATTT ATGGTGAACG AGTGACCGTG AATTGGCATC ATTTCTTACG 16500
 TCCTGAGATT AAATTTGATG GTATCGACCC ATTAGTTAAA CAAATGAACG ATGATAAATC 16560
 10 GCGTGCTAAA TATTTATTAG CAGTTGATTT TGGTGATGAA GTAGCTTATA ATATCTAGAG 16620
 TTGCGTATAG tTATATAAAC AATCTATACC ACACCTTTT CTTAGTAGGT CGAATCTCCA 16680
 ACGCCTAACT CGGATTAAGG AGTATTCAAA CATTTTAAGG AGGAAATTGA TTATGGCAAT 16740
 15 TTCACAAGAA CGTAAAAACG AAATCATTAA AGAATACCGT GTACACGAAA CTGATACTGG 16800
 TTCACCAGAA GTACAAATCG CTGTACTTAC TGCAGAAATC AACGCaGTAA ACGAACACTT 16860
 ACGTACACAC AAAAAAGACC ACCATTACG TCGTGGATTA TTAAAAATGG TAGGTCGTCG 16920
 20 TAGcATTTaT TAAACTACTT ACGTaGTAAA GATATTCAAC GTTACCGTGA ATTAATTAAA 16980
 TCACTTGGA TCCGTCGTTA ATCTTAATAT AACGTCCTTG AGGTTGGGGC ATATTTATGT 17040
 TCCAACCTTA ATTTATATTA AAAAAGCTTT TTACAAATAT TAACATTTAT TATATGTTAA 17100
 25 GCTAATATTG AGTGAATAAT AAGGTTACAA TGAGATAAAG ATGATATAAG TACACCTAGA 17160
 GTAATAATCA AGATATTAAA AATAAAGTAT GTTTTTTTAA AAAATATAAC TTATATTTAT 17220
 ACTGATAAGG GTGGGACGAT AAGTCTATTT TGTAATAAT AGATGGATAT CCCGCTCTCT 17280
 30 TTTTTTCCAA TTCAATATTT TATAACTAAT ATTAAAATAC GATAATAAAT GATATGATAT 17340
 AACTATTAGA TTCAAGAGAG GAGATTTATA ATGTCTCAAG AAAAGAAAGT TTTTAAACT 17400
 GAATGGGCAG GAAGATCTTT AACGATTGAA ACAGGGCAAT TAGCTAAACA AGCAAATGGC 17460
 35 GCTGTATTGG TTCGTTATGG AGATACAGTC GTGTTATCGA CGGCAACTGC ATCAAAAGAA 17520
 CCTCGTGATG GAGATTTCTT CCCATTAACA GTGAATATG AAGAAAAAAT GTACGCTGCG 17580
 GGTAATAATC CTGGTGGATT TAAAAAGAGA GAAGGACGTC CTGGTGACGA TGCAACATTA 17640
 40 ACTGCGCGAT TAATTGATAG ACCAATTAGA CCTTTATTCC CTAAAGGATA TAAGCATGAT 17700
 GTTCAAAATTA TGAACATGGT ATTAAGTGCA GATCCTGATT GTTCACCACA AATGGCTGCA 17760
 45 ATGATTGGTT CATCTATGGC GCTTAGTGTG TCGGATATTC CATTCCAAGG GCCAATCGCC 17820
 GGTGTAAATG TGGGTTATAT TGACGGTAAA TATATCATT ACCCAACAGT AGAAGAAAAA 17880
 GAAGTTTCTC GTTTAGACCT TGAAGTAGCT GGTCAATAAG ATGCGGTAAA CATGGTAGAG 17940
 50 GCAGGCGCTA GTGAGATTAC TGAACAAGAA ATGTTAGAGG CGATTTTCTT TGGTCATGAA 18000
 GAGATTCAAC GTTTAGTTGA TTTCCAACAA CAAATCGTCG ACCACATTCA ACCTGTAAAA 18060

55

EP 0 786 519 A2

	GAAGAAAAAG GACTTAAAGA AACAGTTTTA ACATTTGATA AACACAACG AGATGaAAAT	18180
	CTTGATAACT TAAAAGAAGA AATCGTCAAT GAATTTATCG ATGAAGAAGA TCCAGAGAAT	18240
5	GAaTTACTTA TTAAAGAAGT TTATGCAATT TTAAATGAAT TAGTGAAAGA AGAAGTTCGA	18300
	CGTTTAATTG CAGATGAAAA AATTAGACCA GACGGCCGTA AACCTGATGA AATCCGTCCA	18360
10	TTAGATTCTG AAGTTGGTAT TTTACCTAGA ACGCATGGTT CAGGTCTATT TACACGTGGT	18420
	CAGACTCAAG CACTTTCAGT TTTAACATTA GGTGCTTTAG GCGATTATCA ATTAATTGAT	18480
	GGTTTAGGAC CTGAAGAAGA AAAAAGATTC ATGCATCATT ACAACTTCCC GAATTTTTCA	18540
15	GTAGGTGAAA CTGGTCCAGT ACGTGCGCCA GGTGCTCGTG AAATTGGACA TGGTGCGTTA	18600
	GGTGAAAGAG CATTAAAATA TATTATTCCT GATACTGCTG ATTTCCCATATA TACAATTCGT	18660
	ATTGTAAGTG AGGTACTTGA ATCAAATGGT TCATCATCTC AAGCGTCAAT TTGTGGATCA	18720
20	ACATTAGCAT TAATGGATGC GGGCGTACCG ATTAAAGCAC CAGTTGCTGG TATTGCTATG	18780
	GGCCTTGTTA CACGTGAAGA TAGCTATACG ATTTTAACTG ATATCCAAGG TATGGAAGAT	18840
	GCATTAGGTG ATATGGACTT TAAAGTCGCT GGTACTAAAG AAGGTATTAC AGCAATCCAA	18900
25	ATGGATATTA AAATTGACGG TTTAACGCGT GAAATTATCG AAGAGGCTCT AGAACAAGCG	18960
	AGACGTGGTC GTTTAGAAAT AATGAATCAT ATGTTACAAA CAATTGATCA ACCACGTACT	19020
30	GAATTAAGTG cTTACGCGCC AAAAGTTGTA ACTATGACAA TTAAACCAGA TAAGATTAGA	19080
	GATGTTATCG GACCTGGTGG TAAAAAATT AACGAAATTA TTGATGAAAC AGGTGTTAAA	19140
	TTAGATATTG AACAAGATGG TACTATCTTT ATTGGTGCTG TTGATCAAGC TATGATAAAT	19200
35	CGTGCTCGTG AAATCATTGA GGAAATTACA CGTGAAGCGG AAGTAGGTCA AACTTATCAA	19260
	GCCACTGTTA AACGTATTGA AAAATACGGT GCGTTTGTAG GCCTATTCCC AGGTAAAGAT	19320
	GCGTTGCTTC ACATTTTACA AATTTCAAAA AATAGAATTG AAAAAGTGGA AGATGTATTA	19380
40	AAAATCGGTG ACACAATTGA AGTTAAGATT ACTGAAATTG ATAAACAAGG TCGAGTAAAT	19440
	GCTTCACATA GAGCATTAGA AGAATAATAT TTAAAGTCAT ATGACGACAA TGTATCGTCA	19500
45	TGTGATTTTT TTATGCCACT TTTTACGAAG TGACCGGTTT TGAATTTGTT GTATTGAACA	19560
	TTTTAAAACG CTTTATTATT TTGTGTGCAA CTGTTAATTA TCCTGTATGT ATAGTGATTA	19620
	ATAGTGATCA TCAAGTGTTC TTTAACTTAT AATGAATAGT GAGTTTATAT ATGGACGGGT	19680
50	AACAAATTTA GGAGGTAAGA TTTTGAGTTT AATAAAGAAA AAGAATAAAG ATATTCCGAT	19740
	TATACCATTA GGCGGTGTTG GCGAAATTGC TAAAAATATG TATATCGTTG AAGTAGACGA	19800
55	TGAAATGTTT ATGTTAGATG CTGGACTTAT GTTTCAGAA GACGAAATGC TAGGTATTGA	19860

EP 0 786 519 A2

	CCTTACACAC GGACATGAGC ACGCGATTGG TGCAGTGAGT TATGTTTTAG AACAAATTAGA	19980
	TGCACCAGTA TATGGATCTA AATTGACAAT AGCGTTAATT AAAGAAAATA TGAAAGCCCCG	20040
5	TAATATTGAT AAAAAAGTTC GCTACTATAC AGTTAATAAT GATTCAATTA TGAGATTCAA	20100
	AAACGTGAAT ATTAGTTTCT TTAATACGAC ACACAGTATT CCTGATAGTT TAGGTGTTTG	20160
10	TATTCACACT TCATATGGTG CCATTGTGTA TACAGGTGAA TTTAAGTTTG ACCAAAGTTT	20220
	ACATGGACAT TATGCACCAG ATATTAAACG TATGGCAGAG ATTGGTGAAG AAGGCGTATT	20280
	TGTCTTAATC AGTGATTCTA CTGAGGCAGA GAAACCTGGA TATAATACTC CGGAAAATGT	20340
15	GATTGAACAT CATATGTATG ATGCTTTTGC AAAAGTGCGA GGTGCTTGA TAGTTTCATG	20400
	TTATGCTTCG AACTTTATAC GTATTCAGCA AGTTTTAAAT ATTGCTAGCA AGCTAAATCG	20460
	TAAAGTGTCA TTTTtaggAA GATCACTTGA AAGTTCATTT AATATTGCTC GTAAAATGGG	20520
20	GTATTTTCGAC ATTCCTAAAG ATTTGCTAAT TCCTATAACA GAAGTTGATA ATTATCCTAA	20580
	AAATGAAGTG ATAATTATAG CTACTGGTAT GCAAGGAGAA CCTGTAGAAG CCTTAAGTCA	20640
	AATGGCGCAA CATAAGCATA AAATTATGAA TATCGAAGAA GGCGATTCTG TATTTTtagC	20700
25	AATTACGGCT TCTGCTAATA TGGAAGTTAT CATTGCGAAT AcATTAAATG AGCtTgTtAC	20760
	GnCTGGCGCA CATATTATTC CAAATAACAA AAAGATTCAT GCTTCAAGTC ATGGTTGCAT	20820
30	GGAAGAATTA AAAATGATGA TTAATATTAT GAAACCTGAA TACTTTATTC CTGTACAAGG	20880
	TGAATTTAAA ATGCAGATAG CACATGCGAA GCTAGCAGCT GAAGCAGGTG TTGCACCAGA	20940
	AAAGATTTTC CTTGTGGAAA AAGGAGATGT CATTAAATTAC AACGGTAAAG ATATGATATT	21000
35	AAATGAAAAG GTAAATTCAG GAAATATTTT AATAGATGGC ATTGGTATTG GGGATGTAGG	21060
	AAATATCGTG TTGAGAGACC GTCATCTTTT AGCAGAAGAT GGTATCTTTA TTGCTGTTGT	21120
	AACGTTAGAT CCTAAAAATA GACGTATAGC TGCGGGACCT GAAATTCAAT CTCGTGGGTT	21180
40	TGTATATGTA CGTGAAAGTG AAGACTTATT ACGTGAAGCA GAAGAGAAAG TACGTGAAAT	21240
	AGTAGAGGCT GGTTTACAAG AAAACGCAT AGAATGGTCT GAAATTAAAC AAAATATGCG	21300
45	TGATCAAATT AGTAAACTAT TATTCGAAAG TACAAACGT CGTCCTATGA TTATTCCAGT	21360
	AATTTCTGAA ATTTAATCAA AAAGTCATTA ACATAAAAGA GGTCAGAACA AGTCACTGAA	21420
	ATATAATGGT TGTATGGAC AATTTACTTA TATTTTATGA TAGTCAATTG AAGGGGTAAC	21480
50	GATTAATCTG TTATCTTAAG TAAATTGATA CATAGATGAT ATTGTTCTAA CCTCTTTCAT	21540
	CGTCTGTTTG GACTACATAT TCTAAACATC AAATAGGAAA TTATATATAA TAACGTCGTT	21600
55	TTAACTAAGG CAACATAAGG AGGTGCGTCA ATTGGCACAA GCAAAAAAGA AATCGACAGC	21660

GATACGTTAT GTCATAGCTA TTTTAGTAGT TGTATTAATG GTGTTGGGTG TTTTCCAATT 21780
 AGGAATAATA GGTGCTCTAA TTGACAGCTT CTTTAATTAT TTATTTGGGT ACAGTAGATA 21840
 5 TTTAACATAT ATTTTAGTAC TCTTAGCAAC TGTTTTTATT ACATACTCTA AACGTATTCC 21900
 TAmaACTAGA CGAACGGCTG GTTCGATTGT ATTGCAAATT GCATTGCTAT TTGTATCACA 21960
 GTTAGTTTTT CATTTTAATA GTGGTATCAA AGCTGAAAGA GAACCTGTAC TTTCTTATGT 22020
 10 GTATCAGTCA TACCAACACA GTCATTTCCC AAATTTTGGT GCGGGTGTAT TAGGCTTTTA 22080
 TTTATTAGAG TTAAGCGTAC CTTTAATTTT ATTATTTGGT GTATGTATTA TTTACTATTTT 22140
 ATTATTATGC TCAAGTGTTA TTTTATTAAC AAACCATCAA CATCGTGAAG TTGCAAAAGT 22200
 15 TGCACTGGAA AATATAAAAG CTGTTTTGG TTCATTTAAT GAA 22243

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 165:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5510 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 165:

TTATTAATna TTAATATTTT TATTTTTAA AATAAAGCGA GGAGCTATCA ATGGAACAAA 60
 30 TTACTTCTGC ACAAATAAT AGAATTAAAC AAGCGAACAA GCTAAAaAG AAACGTGAGA 120
 GGGATAAAAC TGGATTAGCT TTAATTGAAG GTGTGCATTT AATTGAAGAA GCTTATCAAA 180
 35 GTGGAATTGT AATTACACAA TTATTTGCAA TTGAACCGGC AAGATTAGAT CAGCAAATTA 240
 WCGCATACGC GCAAGAAGTT TTTgAAATAA ACATGAAAGT TGCTGAATCT TTATCAGGTA 300
 CAGTGACACC ACAAGGGTTT TTCGCAATCA TTGAGAAGCC GCATTATGAT ATTTCTAAAG 360
 40 CACAACAAGT ATTGCTCATC GATCGTGTTT AAGATCCTGG AAATTTAGGC ACATTAATTA 420
 GAACTGCGGA TGCTGCTGGA ATGGATGCTG TAATAATGGA GAAGGGTACG ACAGATCCTT 480
 ATCAAGATAA AGTGTTGCGA GCGAGTCAAG GTAGTGTTTT CCATTTGCCA GTTATGACAC 540
 45 AAGATCTCGA TACGTTTATT ACTCAATTTA ATGGTCCTGT TTATGGTACA GCACTTGAAA 600
 ACGCAGTGgC ATACAAAGAA GTTACTTCAA GTGATTCTTT TGCATTACTA TTAGGTAATG 660
 AGGGAGAAGG TGTTAATCCT GAATTATTAG CACATACTAC ACAAATTTA ATCATACCTA 720
 50 TTTATGGTAA AGCTGAAAGT TTAAATGTAG CGATTGCAGG TAGTATTTTA CTTTATCATT 780
 TGAAAGGTTG ACCGTGTTGA AAGTTTTCCG ATATAATTAT AATTAATTGT TTAACAGAAC 840

EP 0 786 519 A2

	ATAAATAATT GTTTTAGGGA GAATAATCGT GACTGCAAGT TATTCCAATT ATTTAAAGTC	960
	TTTTACCTT TTTGGTTACT TAAAGAGATT TAAGTCGGAA AGACAATCCG TTATCAATAT	1020
5	TAAACAAGTG TATGCTTAGG CATAAATTG GGTGGTACCA CGGAAATGAC TTTCGTCCCT	1080
	TATTTTTTAA GAGGATGAAA GTCTTTTTTT AGTTAAACAA CAAATATGAT AAATAGAAAA	1140
	TGAATAGTTC GAATAGGGAG GTCAGTGACA TATGTCTGAA CAACAAACAA TGTCAGAGTT	1200
10	AAAACAACAA GCGCTTGTAG ATATTAATGA AGCAAATGAT GAACGTGCAC TGCAAGAAGT	1260
	TAAAGTGAAA TACTTAGGTA AAAAAGGGTC AGTTAGCGGA CTAATGAAAT TGATGAAGGA	1320
15	TTTGCCGAAT GAAGATAAAC CTGCGTTTGG TCAAAAAGTG AATGAATTGC GTCAAACAAT	1380
	TCAAATGAA TTAGATGAAA GACAACAGAT GTTAGTTAAA GAAAAATTAA ATAAGCCAAT	1440
	TGGcTGAAGA AACAATTGAT GTATCATTAC CAGGTCGTCA TATTGAAATC GGTTCAAAGC	1500
20	ATCCATTAAc ACGTACAATA GAAGAAATTG AAGACTTATT CTTAGGTTTA GGTtATGAAA	1560
	TTGTGAATGG ATATGAAGTT GAACAAGATC ATTATAACTT CGAAATGCTG AATTtACCTA	1620
	AATCACACCC TGCACGTGAT ATGCAAGATA GTTTCTATAT TACGGATGAA ATTTTATTAC	1680
25	GTACGCATAC ATCACCAGTG CAGGCACGTa CGATGGAATC ACGTCATGGT CAAGGTCCAG	1740
	TTAAAAATTAT TTGCCCTGGT AAAGTGATC GTCGTGACTC TGATGATGCG ACACATAGTC	1800
	ATCAATTTAC ACAAATCGAA GGATTAGTTG TTGATAAAAA CGTTAAAATG AGTGATTtGA	1860
30	AAGGTACTTT AGAATTGTTA GCTAAGAAAT TATTTGGTGC TGATCGTGAA ATTCGTTTAC	1920
	GTCCAAGTTA CTTCCCATTc ACTGAACCTT CTGTAGAAGT TGATGTGTCA TGTTTTAAAT	1980
35	GTAAAGGAAA AGGTTGTAAT GTGTGTAAAC ACACAGGATG GATTGAAATT TTAGGTGCTG	2040
	GAATGGTACA TCCTAATGTA TTAGAAATGG CTGGTTTTGA TTCTTCAGAG TACTCTGGAT	2100
	TTGcATTtGG TATGGGACCA GACCGTATTG CAATGTTGAA ATATGGTATA GAAGATATTc	2160
40	GTcATTtCTA TACTAATGAT GTGAGATTTT TAGATCAATT TAAAGCGGTA GAAGATAGAG	2220
	GTGACATGTA ATGTTGATAT CAAATGAATG GTTGAAAGAA TATGTAACAA TCGATGATTc	2280
	TGTAAGTAAT TTGGCAGAAC GTATTACGCG CACAGGTATT GAAGTGGATG ATTTAATTGA	2340
45	CTACACAAAA GATATCAAAA ATTTAGTTGT CGGCTTCGTT AAGTCAAAAG AGAAACATCC	2400
	TGATGCTGAT AAATTAAATG TTTGCCAAGT TGATATCGGA GAAGACGAAC CTGTACAAAT	2460
	CGTTTGTGGT GCACCGAACG TTGaTGCAGG ACAATATGTC ATTGTTGCTA AAGTAGGTGG	2520
50	CAGATTGCCT GGTGGTATTA AAATTAAGCG TGCCAAATTA CGCGGTGAAC GTTCAGAAGG	2580
	TATGATTtGT TCgTTACAAG AAATTGGTAT TTCAAGTAAC TATATACCGA AAAGTTTTGA	2640

55

EP 0 786 519 A2

	ATATTTAGAT GATCAAGTAA TGGAAATTTGA TTTAACGCCG AATCGTGCAG ATGCTTTAAG	2760
	TATGATAGGT ACTGCTTATG AAGTTGCAGC ATTATATAAT ACAAAAATGA CTAAGCCAGA	2820
5	GACAACATCA AATGAGCTTG ATTTATCTGC AAATGATGAA CTGACTGTGA CAATTGAAAA	2880
	TGAAGATAAA GTACCATATT ATAGTGCACG TGTGTTCAC GACGTGACAA TTGAACCCTC	2940
10	GCCAATTTGG ATGCAAGCAC GCTTAATAAA AGCGGGTATA CGTCCTATTA ATAATGTTGT	3000
	TGACATTTCA AATTATGTGT TATTAGAATA CGGTCAACCA TTGCACATGT TTGATCAAGA	3060
	TGCGATTGGT TCACAACAAA TTGTGTTCG TCAAGCTAAT GAAGGCGAAA AAATGACAAC	3120
15	ATTAGATGAT ACAGAACGTG AATTATTAAC GAGCGATATT GTCATTACTA ATGGACAAAC	3180
	TCCAATTGCA TTAGCTGGTG TTATGGGTGG CGATTTTTCA GAAGTTAAAG AACAAACATC	3240
	AAATATAGTG ATTGAAGGTG CTATTTTTGA TCCAGTTTCA ATTCGTCATA CATCAAGACG	3300
20	TTTAAATTTA CGCAGTGAAT CATCTAGTCG TTTTGAAAAA GGAATAGCTA CTGAATTTGT	3360
	AGATGAAGCA GTCGACCGTG CATGTTATTT ATTACAAACT TATGCAAACG GAAAAGTGCT	3420
	AAAAGATAGA GTGTCTTCAG GAGAACTTGG TGCATTTATT ACACCAATCG ACATCACTGC	3480
25	TGATAAAATT AATCGCACTA TTGGATTTGA TTTGTCACAA AATGATATTG TTAATTTTTT	3540
	TAATCAACTA GGGTTTGATA CAGAAATAAA TGATGATGTT ATTACAGTGC TAGTACCATC	3600
30	ACGTCGTAAA GATATTACAA TTAAAGAAGA TTTAATTGAA GAAGTTGCAC GTATATATGG	3660
	ATACGACGAT ATTCCATCAA CGTTACCTGT CTTGATAAA GTTACTAGTG GTCAGCTAAC	3720
	TGATCGCCAA TATAAACTA GAATGGTTAA AGAAGTGTTA GAAGGTGCTG GATTAGACCa	3780
35	AGCTATTACG TATTCGTTAG TTTCTAAAGA AGATGCTACT GCaTTTTCGA TGCAACAGCG	3840
	TCAAACAATT GATTTATTGA TGCCAATGAG TGAAGCGCAT GCGTCATTAC GTCAAAGTTT	3900
	ATTACCACAT TTAATCGAAG CGGCATCATA TAATGTGGCA CGCAAAAATA AAGATGTAAA	3960
40	ATTATTTGAA ATCGGCAATG TCTTCTTTGC TAATGGAGAA GGTGAACTAC CAGATCAAGT	4020
	TGAATATTTA AGTGGTATTT TAACTGGAGA TTATGTAGTC AATCAATGGC AAGGTAAGAA	4080
	AGAAACGGTT GATTTCTATT TAGCAAAAGG TGTCGTGGAT CGAGTATCTG AAAAGTTAAA	4140
45	TCTTGAATTT AGTTATCGCC GTGCTGATAT TGaTGGATTA CATCCAGGTC GTACTGCTGA	4200
	AATCTTATTA GAGAATAAAG TTGTTGGTTT TATTGGTGAA TTACATCCAA TATTAGCAGC	4260
50	TGATAATGAT TAAAACGTA CGTATGTTTT TGAGTTGAAT TTTGATGCAT TAATGGCTGT	4320
	GTCGGTAGGT TACATTAATT ACCAGCCAAT TCCGAGATTC CCAGGCATGT CTCGTGACAT	4380
	TGCATTAGAA GTAGATCAAA ATATTCCAGC AGCTGATTTA TTATCAACGA TTCATGCACA	4440

55

EP 0 786 519 A2

	AAAAGGTAAA AAATCAATTG CAATACGTTT AAATTATTTA GACACAGAAG AAACATTGAC	4560
	AGATGAGCGC GTTTCAAAAG TACAAGCGGA AATTGAAGCA GCATTAATTG AACAAGGTGC	4620
5	TGTTATTAGA TAATGATTTA AACCCCATGT ATAAGGATAT CTGAAGTAGA TTGATATCCC	4680
	TAACATGGGG TTTTATTTTT GGGTTCACCA ATTTGGTTCC AATGCATTTA AAAAGTCAAA	4740
	GAGGAACAGC GGAATACAGA TGATGcTTCG CACAACCTGCA TAAAAGCCTC TAATGATTAA	4800
10	AAATCAAAGA GGCTTTAAAA TTTTTTGGGC TTTTTCACGA TTTTAAAAAT GCTTTTTTTGA	4860
	AATGGTATCT AAACGTGAAA GACCGTATTT TTTTATAATT TTGGCGGCGA TTACATCGAC	4920
15	TTTAGCACCG GCACCTTTAG GAATCGTCAT ATTAATATTT TTTGATATTT GATCCATATA	4980
	TGTAACAAAT GCGTATCGAG AAATTATGCT TGCCACTGCA ATGGCTAATG ACTTCGATTC	5040
	TCCTTTTGTT TCAAATTTTG TTTTCTTTGG AAGTGGTATA TCTGATAATG CGTAATGGCT	5100
20	ATACACTTCG CGTTTTGCGA ACTGATCAAT GACGATATAG TCTAATTGAG ACGAATCAAT	5160
	TTTTTCAAGT ACATTTTTGA TGGCTTCATT ATGAAGGGCA GCTTTCATTT TTAATTGAGT	5220
	CCAGCCTTTT GCTTGCTGAA TATTATATTT TTCATTGTGT AGTGTTAATA ATGAATGTGG	5280
25	TATGAAAGTA ACCAATTGCT CAGCAAGTTC TACAATTTTG GTATCGGTGA ATTTTTTTGA	5340
	ATCATCTACA CCCAAAGTTT TTAATAATAGG GACATGCTCT TTGGTAACGA AAGCAGCACA	5400
	CACAGTCAAC GGACCAAAGT AATCGCCACT TCCAGCCTCA TCACTACCAA TACAGTTAAA	5460
30	TTGrTCATAC ATTAAAGTTg TcCagAAAAG AATTAGCCAT ATTTnCCTTT	5510

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 166:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 9623 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 166:

	GnTTATACTT ATAAATTTTA CGGGGGTAAT ATAATACTTA TTTACCTGTA ATATATGATA	60
45	ATTCITCAGC GGCAGCTGCG TTGATAGTTC TATGAGAAAT GATACCTAAT CCTTTAACAT	120
	TGGATTCTGA AATAACGATA GAACCATCAC TGTTAACTTT TTCAACAAAT GCTACATGAC	180
50	CGTAATGTTG ATCTGCACCA AATTGTCCAG CCTCAAATAC AACAGCAGCA TGACGTTTTG	240
	GTGTATGACT TACTTGATAA TCACGGTATT GAGCTCGATT ATTCCAATTA TGTGCATCAC	300
	CTAAATCACC TGAGATAGAT GTACCAAATT GTTTCATACG GTTATATACG TACCAAGTAC	360

55

EP 0 786 519 A2

ATGAATCATC ATAATCCTTG ATAGAACGTT CATATTTATC TAAATCTGGC ATGCGTTCAT 480
 CGTCAAACCTG AGTTAATTGA TAGTGTTTAA TAATACTGTT TAATTTCTTA GCATAGTTTG 540
 5 GATCTGTAGC ATATGTTTTA GATAAGTGTG ATGTTGCATC TTTATAAGAA TCGGCTTCCG 600
 ATTTCCATGT TGGTTTATAA ATTGTTTCGAT TGCCATCAAT ACCATTTTTA ATAAGGTCAG 660
 AGTAATCTTT TAGTGATTCT TTCGTGCTTG GATATTTTCG GAATCCAGCA TTAATACTAT 720
 10 ACAATTGATT ACCATCAGCT TCTAATGTGT TAAAAGGAAC AGAATTCCCT TCaAAAGCAC 780
 CTTTGATACC GAATAAATTA TGGTTTGGTG ACWTAGCTAA AGCACTACGA CCTGAGTCAG 840
 15 ATTCTAAGAT TGCTTGGGCA ATCATGACAG ACGCATAAAT ATCGTTATCT TGACCAATGC 900
 GATGTGCATC TTTAGCAATT GATTGACAA ATTGACGTGT ATCTTTTGAG TCAACAACGT 960
 TAAATTGTCC GCTATCATCA TTGTTAGATA TACTAGGATC TGTTTCGAAT AATGATGTTG 1020
 20 CACGTGTATC CTTTTGATTA ACATCGTTAT TGAATGATTG AGCAGGTTTA GATTTATGTT 1080
 TCAATTCATC TTGTGTGGT AACTGTGGAT TCTTGTATT AGATTTTCA TTTTGTCTT 1140
 TTTTAGATTG AGATGCATAA TCTTTTGTG TTTTCTTGC ATCTTCACTG TATTGATCCA 1200
 25 AAATAGAGTC TAAAGCCGAA TCTGACATTG ATTGATTATC TTTGATGAA GATTTTTGAT 1260
 TTGCTTTATC GTCACCTGCT GGTGACTAT TTGATTGATT AGGTTGTGTT GGCTTTGGCG 1320
 AATTGTTG CTTATTAGAT GTACTTGGTT TTGTATTGTT TGATTAGGT GCTTTTTGAT 1380
 30 TGTCTGCTTT ATCTTGTTTA GATGATTGCG TATCAGTGTC ATTTTTGATG CTATTGTCAC 1440
 TGTTTTTATT CGAATCATTT GTTGACTTTT CGCCATTACG AGGTTGTTCC TAATCAGAAA 1500
 35 TATCCGAATT TAAATTGAAT AAGTTTTGGA TTAAAGTTGT TAATGAGTAA TTATCATCGT 1560
 ATTTATTTTT GGTAGCAAT TGGTTTATAT TGGTTTGTG TAAATTCTTA TAAATAAAAT 1620
 CAATGATATT GTTAGAGTCT GAAGTGCTGT CGTCTATAGT TTAAATTTT TTGTCGTTAT 1680
 40 TGTCTTGGTT ACTTGATTA TTTTGTCTG CTTTATCAAT ATCTTTACTT GTAGTATCCT 1740
 TAGAAGTTTC ATCGTCATTA GATTTTTTTG AATCATGAGA TGTTGTCTTA GCTGTAGTAT 1800
 CTTTTTGAGG TGTATCAGCA TAAGCGTAG GTGAAaCTAA AGTAGGTAAT ACGAGCGTAG 1860
 45 TTGATAGCAA ATAAATTAAT ATTTATTTT TAGGCATATT TCGTATTCTC CCTTGAAAAA 1920
 TATAATAATT AAGTGTGATA ATAAACTATG ATTTGTTATA ATTTATCGTA TGCTGAAAT 1980
 50 AGTTGATAGG TATCAATCGA CTAAATATCT TCCAGTAAAT TGATTATACT AATTCACAAC 2040
 GCAAAAATAA ATTAATTTAC AAAAAATATA TAAAAAATAT GAATAATTCC TACATAGGAG 2100
 TGTGACAATG AAGAACGCAT TTAAATTATT TAAATGGAT CTGAAGAAAG TAGCTAAGAC 2160

55

EP 0 786 519 A2

	TAACCTTATGG GCAATGTGGG ATCCATATGG CAACACGGGA CACATCAAGG TCGCAGTCGT	2280
	TAATGAAGAT AAAGGCGACA CAATCAGAGG GAAAAAAGTT AATGTCGGTA ATACGATGGT	2340
5	TAATACACTC AAGAAAAATA AAAGTTTGA TTGGCAGTTT GTAAGTAGAG AGAAAGCTGA	2400
	TCATGAGATA AAAATGGGTA AATATTTTGC AGGTATTTAC ATCCCATCTA AGTTTACACA	2460
10	TGAAATTACA GGGACACTAC GTAAGCAGCC TCAAAAAGCA GATGTAGAAT TTAAGGTGAA	2520
	TCAGAAGATT AACGCTGTG CGTCTAAGCT AACAGATACT GGTTCGTCAG TTGTCGTTGA	2580
	AAAAGCGAAT GAACAATTTA ATAAACAGT AACTCGAGCA TTATTAGAAG AAGCTAACAA	2640
15	AGCAGGTTTA ACTATTGAAG AAAATGTGCC GACAATTAAC AAGATAAAAA ATGCGGTATA	2700
	TTCAGCAGAT AAAGCTTTAC CTAAGATTAA TGACTTTGCG AATAAAATTG TATATTTGAA	2760
	TAACCACCAA GCGGATTTAG ATAAATATGC CAATGATTTT AGAAAACTAG GAAATTATAA	2820
20	AGGTGATATT TTAGATGCTC AGAAAAAATT AAACGAAGTC AATGGTGCTA TTCCGCAACT	2880
	TAATGAAAAG GCTAAGTTGA TATTAGCTTT AAATAATTAT ATGCCGAAAA TTGAAAAAGC	2940
	GTTAAATTTT GCAGCTGATG ACGTGCCAGC GCAGTTCCTT AAAATTAATC AAGGACTTAA	3000
25	CATTGCGAGT CAAGGTATTG ATCAAGCTAA TGGACAGTTA AATGATGCCA AAGGCTTCGT	3060
	CACACAAGTT AGAAGTAGAG TCGGTGATTA TCAAGATGCA ATTGACGCG CGCAAGATTT	3120
30	AAATCGAAGA AACCAGCAAC AGATTCCTCA AAATAGCGCG GCGAACAACG AAACATCAAA	3180
	TAGTGACCT GCAGCTGGTA ATGGTGTAGC ATCAACGCCA CCAAGTGCAC CAAGTGCGA	3240
	TACTGCACCA AATAATAATG TTACGCAAAA TACCGCACCA AATAGTAATA ATGCGCCTGT	3300
35	ATCGACTACA CCACAAAGTA CAAGCGGGAA AAAAGATGGT CAAAGTTTTG TAGATATAAC	3360
	AACAACACAA GTCAGCACAG CTAACGAGAA CACACAAAAC ATTACAGATA AAGATGTTAA	3420
	ATCAATGGAA GCGGCATTAA CGGGCTCTTT ATTATCATT TCAAATAATT TAGATACCCA	3480
40	AGCGAAAGCC GCACAAAAG ATAGTCAGGC ATTACGTAAT ATTTCTGATG GGATTTTAGC	3540
	ATCGGACAAG CCTTCTGATT TTAGAGAGTC TTTAGATAAT GTTAAGTCCG GTTTAGAATA	3600
	CACAACGCAA TATAATCAAC AATTTATCGA TACATTAAAA GAGATTGAGA AGAATGAAAA	3660
45	TGTTGATTTA TCAAAAGAAA TTGATAAGGT AAAAGCAGCT AATAATCGAA TTAATGAATC	3720
	ATTAAGGTTA GTTAATCAAT TAAGCAATGC ATTAAGAAT GGTAGTTCAG GAACTGCTGA	3780
50	AGCTACTAAA TTACTAGATC AACTTTCAAA ACTAGATTCA TCATTATCAT CATTAGAGA	3840
	TTATGTTAAA AAAGATCTTA ACAGCTCTTT AGTATCAATA TCACAACGTA TTATGGATGA	3900
55	ATTGAACAAA GGGCAAACTG CATTATCCAA TGTTCACTCT AAATTAAATA CAATTGATCA	3960

EP 0 786 519 A2

	AACAGTATTA CCAAGTATTG AACACAATA CATTAGTGCT GTTAAAAATG CTCAAGCAAA	4080
	CTTCTCGAAA GTGAAAAGTG ATGTAGcTAA AGCTGCTAAC TTTGTGCGCA ATGACTTACC	4140
5	ACAGTTAGAA CAGCGATTAA CTAATGCGAC AGCAAGTGTG AATAAAAATT TACCAACGTT	4200
	ATTAAATGGT TATGATCAAG CGGTAGGATT ACTAAATAAA AATCAGCCAC AAGCGAAAAA	4260
10	GGCTTTATCA GATTTAGCTG ATTTTCTCA AAATAAATTG CCTGATGTTG AAAAAGATTT	4320
	GAAAAAGCG AATAAAATTT TCAAGAAATT AGACAAAGAT GATGCAGTCG ACAAATTAAT	4380
	CGACACACTT AAGAATGATT TGAAAAAGCA AGCGGGTATT ATTGCAAATC CTATTAATAA	4440
15	GAAGACTGTT GATGTTTTCC CAGTTAAGGA TTATGGTTCA GGTATGACAC CATTCTATAC	4500
	TGCACTGTCA GTATGGGTAG GTGCACTCTT GATGGTAAGT TTATTAACGG TTGATAATAA	4560
	ACATAAGAGT CTAGAGTCAG TCTTAACGAC AAGACAAGTG TTCTTAGGTA AGGCAGGATT	4620
20	CTTTATAATG CTGGGTATGT TGCAAGCACT CATTGTATCG GTTGGAGATT TGTTAATCCT	4680
	AAAAGCAGGA GTTGAGTCAC CTGTATTATT TGTACTTATA ACGATTTTCT GTTCGATTAT	4740
	TTTCAACTCA ATCGTATATA CGTGCGTATC ATTACTTGGT AACCCAGGTA AAGCCATTGC	4800
25	AATCGTATTG CTTGTATTAC AAATTGCAGG TGGTGGGGGA ACATTCCCAA TTCAAACCTAC	4860
	GCCACAATTT TTCCAAAACA TTTCGCCATA CTTACCATTT ACGTATGCAA TTGATTCAAT	4920
30	ACGTGAAACA GTAGGCGGTA TTGTTCCGGA AATCCTAATT ACAAATTAAT TTATATTAAC	4980
	GTTATTTGGT ATAGGATTCT TCGTTGTAGG TTTAATTTTA AAACCTGTAA CAGATCCATT	5040
	GATGAAGCGC GTATCTGAAA AAGTTGACCA AAGTAACGTT ACAGAATAAA AATTAAATCC	5100
35	ACACATTAGG GTTATAGCTC CTTAATGTGT GGATTTTTAT GTTTTTAGAC AGAAGAGATA	5160
	GTAATTTCTG TCTTTTATGG GACGGTTGTT ATCATTGCTA TTATCCAGGA TGACTTACTA	5220
	TAGGACTAAT ATTACCGACA AAGTGAATAT CCTCGTCTTC CGTAGTTAAA ATAAAGCTAG	5280
40	AACCTTTTTG GATGTCATAG TGCTTATCGT TTACTGTAA AGTACCAGTA CCATCGATAA	5340
	TTGTAACTAA GCAATAAGCA TGTGGTTTAT TGAATTTTAA ATCTCCATGA ATATCCCATT	5400
	TATATACTGC AAAATATTGA TTATCTACAA ATTGAGTTAC AGTGTGTGTG TCGATGTGAG	5460
45	TTGTTATAGG AGTAGTATTT GGTTTCATGAT TGCCTAATTC AATCACATCT TTACTTTGCT	5520
	CTAAGTGCAA ATCACGCAAT TGACCATTTT GATCTCGTCT ATCATAGTCA TAAATACGGT	5580
50	ATGTCGTATC GGAGGATTGT TGTGTCTCTA AAATTAATAA ACCCGAACCA ATGGCATGGA	5640
	CAGTGCCAGC AGGAACATAA TAAAAGTCAC CGGGCTTAAC AGGTATACGT TTGAAAAGAC	5700
	TGTCAAATTC ATGATTATCA ATCATGTCTA TTAACGTCTG TTTATTATGT GCATGTACGC	5760
55		

EP 0 786 519 A2

	GTTGCGCTTC GTGTTTAA GCGTAGTCAT CATCTGGGTG AACTTGAACA GATAATTTAT	5880
	CATTGGCATC TAATACTTTA GTTAGCAGAG GGAAACTATC TCGTGAATCA TTATCGAATA	5940
5	ATTACGATG TTGTGACCAA AGTTGATCTA GGGTCATATC CTTGTATGGA CCATTGATAA	6000
	TTGTATTAGG ACCATTTGGA TGTGCAGAAA TTGCCCAGCA TTCACCAGTT GTTTCATTAG	6060
10	GGATATCATA GTTAAATGCT TTTAATGCAT GACCGCCCCA AATTCTGTCT TTA AAAACGG	6120
	GTTGTAAAAA TAATGCCATA GTTAAAACTC CTCTATATTT TCATTAATAA GTTATAAATT	6180
	TCTGTAGTAC TGTTTGCAAT AATTAGTGAT TGGCGTGTCT CATCATTCAT TAACGCTTTA	6240
15	GATAAGCGCT GAAGTATTTT TAAATGTGTA TCCTGACTGT TGTTTGGTAC GGCAATTAAG	6300
	AATATCAATT GAGGTAGACT ACCATCTAGA CTGTCCCATT TAACACCATG ATTATTTTTC	6360
	ATAACAGCTA CAATCGGTTG TTTTACAACA TCAGACTTTG CATGTGGAAT GGCCACGTTT	6420
20	ATGCCAATAG CTGTGCTAGm tCcATTTCAC GTTCTAGTAT TGCATTTTTT AAATGCGATG	6480
	TGTGCTCTAC ATAACGGCAA ATTTTAAGTT TATGAATCAA CATATCAATT GCTTCGTTTC	6540
	GAGACATGTC GTGATCAGTA ATTATCATAG TTTGTTGATC AAAACATGA GAAGGTTTAT	6600
25	TGAGATGTGA ATGTTTCGCG GTGTTATCTA CATTGTCAAC CTCTGTATCA TGTTGTGTAA	6660
	TATCTGTATC ATGAAGTTGC GTGTGTTGCG CTGGTGCATC TACTGCTATA ACTGGTGAT	6720
	TGCGTTTTAA TAATAGTACA GTAGTCATTG TGACAAGACT ACCTACTATC ACTGCAAAGA	6780
30	TAAACCATAA TACATGATCA ATACCACCTA ATACAGCCAC GATTGGACCT CCATGTGCGA	6840
	CTCTATCGCC GACACCACCA ATGGCTGCAA TGA CTGATGC AATCATTGCA CCAATGATGT	6900
35	TGCGAGGTAT AATGCGCAAT GGATCTTGGG CTGCGAAAGG AATAGCACCT TCAGTAATAC	6960
	CAAATAGTCC CATAGTGAAG GAAGCCTTAC CCATTTCTCT TTCGGAATGA TTGAATTTAT	7020
	ACTTTTGAAC AAACGTTGCT AAACCTAAAC CGATTGGTGG TGTACATACA GCAACTGCGA	7080
40	CCATACCCAT AACGGCGTAA TTACCTTCAG CAATAAGTGC TGAGCCAAAT AAAAATGCTA	7140
	CCTTGTTTAC TGGACCGCCC ATATCGAAGG CAATCATCGC ACCTATAATC ATCGCAAGTA	7200
	TAATAATATT AGCACCTTGC ATACTTTTAA ACCAGGTGTG TAATGCCTCA AAAATATTAG	7260
45	AAATTGGTGC ACCGATTAAA AATATAAATA TCAATCTTAC AACGACCGAT GAAATAATGG	7320
	GAATAATAAT GATAGGCATA ATTGGTGCCA TTGCTTTTGG AACTTTAATA TCTTTAATCC	7380
	ACTTTGCGAT ATAACCTGCT AAGAAACCAG CAACAATACC ACCTAAAAAT CCTGCGCCTG	7440
50	CATCACTGCC ATAAAACTA CCGTCAGCAG CGATAGCGCC GCCAATCATA CCAGGAACAA	7500
	GACCGGGcTT GTCAGCGATA CTAACAGCGA TATATCCAGC TAGTATTGGA ACCATAAATT	7560

55

	ATCCTTTTGA TGTCGTTTCA CCGCCTAGAG TCAGCGCGAT GCGATAAGG AGTCCACCAA	7680
	CTACGATAAA AGGAACCATA AACGATACAC CGTTCATTAA ATGTTGATAC ACCATTTGAA	7740
5	TACCATTTTT AGACTTACCG CGATCTTTTCG AATGATAATT TGTTTCAGAT TGATAAATAG	7800
	GCGCATCTTG ATTAATGATA CGTTGAATTA GACCTCTCGG ATTATGAATC CCTTCGCGAA	7860
10	CATTTTCATT AATCAACCGT TTACCAACAA ATCGGGACAG ATCAACTTGT TTATCAGCTG	7920
	CAATTATGAC ACCGTCAGCT TCTTCGATGT CTTGCGTAGT TAAACATT T CAGCACCAA	7980
	CACCGCCCTG TGTCTCTACT TTAATATCCA CACCCATTTT TTTTGCTACC TGCTCAAGCT	8040
15	TTTCTTGAGC CATATATGTA TGTGCAATGC CATTTGGGCA TGAGGTAATA GCTACAATTT	8100
	TCATAAAATC ATCTCCTTTT CTATATTGTA AGCGTATTCT CGATACTAAA AAAAAGAATA	8160
	ATTACCGTTA CTAGTGGCAA TTATTCTTGT AAGTATTCAA ATAAGTGTG CTTTAACTA	8220
20	TGATCATCTA AACTACATAA ATGGTTCCTT GAATCATCAT CCAAGTTAGC AATTAATTGC	8280
	ATCATTGTGT TTGTAAAAGC TTTGTCTTTA TGCGAAATCG CTAAGAAAAA GACAAGTTTG	8340
	ACATCGTGTG GTCGCCAAGG AAAACATCT TTTGTGCGAA AAATAAGCAC ATGTGATTGT	8400
25	AAAACTTTTT CAGGATCTCC ATGAGGAATC GCCATAAAAT TACCTATGTA TGTAGAAGAT	8460
	GATTTCTCAC GCTCTAAAGC TGATTCGATA TATCCTTCTA CAATCGCATG ATGTGCTTGT	8520
	AATATTTTTT GAGCTTCTTC AAAAATTTGC ACAGTATGCC GTGATTTTGT TTCAGTATTT	8580
30	ACGACAAGGA AATGACAGT GTCCATATGA TGATGTGCTT GAACCGGATT TTGCTTTTGC	8640
	TTCACAACGT GTCTGATTTT GTGACGATCA TCTTCAGAAA ATAATGGTGC AACCTTGATA	8700
35	GTCGTCAGGT GCTTAGGAAG TATGTTTAGC GTTTGTTTAG GAATATCATG GGTCGTTATT	8760
	AATAAATCTA CATTGTCAA GTGATAGTGT GTTATATTTT CTAGTTTAAT CGTATTTATC	8820
	ACTGACAACCT CTTCGGATAA GTTATTTTAT TTAGTTTCTA AAAAATTCGA CACACCTAGA	8880
40	CCATAATAAC AAGCAATGAC TACATTTAAT TGTGTTTTGG TACGACGCTC GATGGCAGCT	8940
	TGAAAATGAA TTGTTAAAAA TGCAATTTCA TCTTCGCTCA TCTCTATATC AGTATCAATT	9000
	GCTAATTTAT CAATCGCTTC AAAAAGTGTG TTAAACACAA AGGGATAGAG TTTTTTAATC	9060
45	TCTATAACTA AAGGATTGTT TAAATAAATG TTTTGAGTGA TACGTAAATA TGCTTTACTA	9120
	AAATGATTAT ATAAATTTTG TTGTAAAATC GAATCTTCAT TGAAAGGTAC ATGAATACGT	9180
	TGCTGCATCA ATTCGATTAA GCGATCAATA TAACTTTGTA TAAATATACG TTCTATGCCA	9240
50	ATATCGAGTT TATTAAAATG ATAAGCAATA AAGAATGAAA ACATATTGAT TACTTTTTTCG	9300
	TTCAAGTCAT AACCTAATCT TTCGTTGATT TGCTTAATGC AAGATTGAGA TATCAATTTT	9360
55		

AGATGAATTA AAAGCTGTTG TATTTGAATA TCAGTTGTTT CAATACTATG TTGTTGAAGT 9480
 GTCTCTTGTA TAATATGCGA AATCATCCTT TGGTGTGAAT CAGGTAATTC aTTTAAAATT 9540
 5 AGGTCTTCAA CATGTACATG CCCTGATGAT AATTGATTTA AATGGATGAT GGCATTAGTG 9600
 ATATCATTAT CTGTTCCATC GAC 9623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 167:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1021 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 167:

20 ACCGTGGAAC CACGTCTAGT CAATCAGAAA GCGATAAAAA TGTGACTAAA TCATCTCAAG 60
 AGGAAAATCA AGCAAAAGAA GAATTACAAA GCGTTTTAAA CAAAATTAAC AAACAATCAA 120
 GTAAGAATAA TTAaaaaaatt TTGATATTGT CTATGTTTAT AGTTCACAAG CCATTCAACG 180
 25 TATTGTAAAC TAAGGATAGT GTATTTTTTTT AATAGTAATT TGTGAGGAGG TGCCTATCTA 240
 TGGAGAACA TTAATACGTA AGTATTGATA TTGGATCATC AAGCGTAAAA ACAATAGTAG 300
 GCGAGAAATT TCACAATGGT ATAAATGTGA TAGGTACAGG ACAAACCTAC ACGAGCGGTA 360
 30 TAAAAAATGG TTTAATTGAT GATTTTGATA TTGCGCGACA AGCAATCAAA GACACAATTA 420
 AAAAGGCATC AATCGCTTCG GGTGTTGATA TTAAAGAAGT TTTCTGAAA TTACCTATCA 480
 TTGGAACGGA AGTTTATGAT GAATCAAATG AAATCGACTT TTATGAGGAT ACAGAAATCA 540
 35 ACGGTTTACA TATCGAAAAA GTATTAGAAG GTATTAGAGA AAAAAATGAT GTGCAAGAAA 600
 CAGAAAGTAAT TAATGTGTTT CCGATTCTGT TTATAGTCGA TAAAGAAAAT GAGGTTTCAG 660
 40 ACCCTAAAGA ATTAATTGCC AGACATTCAT TAAAGGTTGA AGCAGGCGTA ATTGCTATTG 720
 AAAAATCGAT TTTAATTAAT ATGATTAAAT GCGTAGAAGC ATGTGGTGTT GATGTATTAG 780
 ATGTTTACTC TGATGCATAT AACTATGGTT CAATCCTAAC AGCTACTGAA AAAGAGTTAG 840
 45 GTGCATGTGT CATTGATATT GGTGAAGACG TTACGCAAGT TGCTTTTTAT GAACGCGGTG 900
 AATTAGTAGA TGCTGATTCT ATCGAAATGG CAGGCGGTGA TATTACaGAC GATaTTGCAC 960
 aAGGrTTaAA CACTTCTnAT GAAACTGCTG nAAAAAGTTA AACACCAATn TGGTCATGCA 1020
 50 T 1021

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 168:

(A) LENGTH: 7963 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 168:

10	TAATCTATTA TAAAAACTGT CCATACCCTT TGATTACCTT CTCTTCAGGT ACAGGCCACA	60
	CTTGAGGCCA TAAGCCATAT GCTTGCTGTG AATAAAATTG TGCCATTTGT AACAAATATAA	120
	TATATACAAA TAAACACCCA ATAATTGCTG TCACTAATGG ATATGATAAC CAAACCATTA	180
15	ATAAAACTGC AATAATTACT AACCTAAAGA TAATATTAAA TGCCTCTCTC CCTCTTATAA	240
	AGCTTCTAAT AAATAAGAAT AAATACATCG CATTAGAGTT AAATTTACTA CCCTTTGGAA	300
	CTGGTAAAAG TATATCTAGA TAACTTCTTC TGA CTGCAGA TTCTTTCAAA TGT TTTACAT	360
20	CGGTGAACAT ATTAACAAAT TTATAATAAT TCATATGATG TCGATGTTCTG ATTGCAATCA	420
	TTTTCTCCCA AGGATACAAA AAGCCTGGTT TATATTTTTT AACTAAAAAT TCTATTAACA	480
	CAGGCAAAGC AACCATCACA AATGCGATGT ACCATTTTGG AGCTAATAGT AAGTAATATG	540
25	TTAGAGCAAA GGTGATGAAT GATATTAAAT TAACTTGCCA TGT TTTAAGT CCCGATTGAT	600
	ACCATTGCCA TCTTAAGCGT AAACCAACAT ATGGAAAAAT TAATGCACTG ACTCCAAAAC	660
	AAATATAAAA TGCCACATTA TGT TGATTAA TATTGTAAAA CAACGGGAAC ATTACAATAA	720
30	CAATAATGAG TTGGATTAAAT ATGCGCGCAA AGTAACTATA TAAAATCGCA TGACGCATAA	780
	ATTGAGACAT GTGTTTTTCA AATGGTAATA AAAAGATTTT ATCCgCTTCT TTTAACAGTG	840
35	GTCsCmTTGG AAAAATAGrT GTCAACGCAA CAATCACTGC TGCTATTaAT GAAAAATTGa	900
	TATTCGTTGG AATATGTTTT AACCATTcAC CATATCCArA AATAAATGCA CCCAGCAAAA	960
	TAAGTAAAAA GACCATGAAA TGACCATTAAT ATATAAACTT ATTATAATAA TTTTtCTCTT	1020
40	TACGAAGGGC ATGTAATCTT TTATTAAATA ATGTGGTAgC TTGGTTACGC ATGTACATCT	1080
	CCACCTTGCG TCACATGAAT ATATATATCG TCTAATGTTT GATTATGTAA GCCAGTTTGT	1140
	TGTCTCAATG CTTCTAAATC TCCAAATGCA ACGACTTCAC CTTCTGTCTAG TATGaTAAAA	1200
45	CGATCACAGT AACGTTCAGC TGTGCTAAA ATATGTGTAC TCATTAGAAC GGTCTACCT	1260
	TCGTTTTTCT TTTCAACCAT TAAATCTAAC ATGGATTGAA TTCCTAATGG ATCTAGGCCA	1320
50	AGGAATGGTT CGTCTATAAT ATACAATTCG GGATTAACGA TAAACGCACA AATAATCATG	1380
	ACTTTTTGTT TCATCCCCTT AGAAAAATGA CTCGGAAAAA CTTTCAACTC ATTTTCTAAA	1440
	CGGAATGTCT TTAATAATGG CATTGCTCGA TTCATCGTTT CATCACGATC AATATCATAT	1500

55

EP 0 786 519 A2

	TCCGGAATAT AAGATAACTT TCTTCTATAA GCCTCTATGT CATCATTAAT GTTGATATCT	1620
	GAAATTGATA GAGATCCTTC CATAGGTGTA AGCAATCCTA GCATATGTTT AATCGTTGTA	1680
5	CTCTTACCAG CGCCATTAAG GCCAATAAGT CCAACAATTT CGCCTTTGTT TAATTCAAAA	1740
	TTTATATCTT TAATTACAGG GCGTTTTCCA TATCCACCTG TAAGCTGTTT TACTTTAACT	1800
	GTCATAAGGC ACCTCCATGA CTTATATTGT ACCAAAAATT ATAAAATGCT CATATTAAAT	1860
10	ACACATGTCC TAATATCGAA TTTTtagCGA CAATGTTATA ATGAATGGTA ATACTAGTTG	1920
	AAAAGGAGTG TAGTCATCAT GTCAGAAACA ATTTTCGGCA AAATTTTAAC TGGAGAAATT	1980
15	CCTAGCTTTA AAGTATATGA AGACGATTAT GTCTATGCCT TTTTAGATAT ATCACAAGTT	2040
	ACTAAAGGAC ATACGTTATT AATTCCTAAA AAAGCTTCTG CTAATATCTT TGAAACTGAT	2100
	GAAGAAACAA TGAAACATAT CCGTGCAGCA TTACCTAAAG TAGCAAATGC TATTAAGCGT	2160
20	GCATTTAATC CTGATGGTTT AAACATTATT CAAAATAATG GTGAGTTTGC AGATCAATCT	2220
	GTATTTcATA TTCATTTCCA CTTAATTCCT CGATACGAAA ATGATATTGA TGGATTGGT	2280
	TATAAGTGGG AAACACATGA AGACATTTTA GATAACGATG CAAAACAACA AATTGCTGAA	2340
25	CAAATTCAAG CACAATTTTA AATGTATGCT TAATCTAAGC TCGAACGGGT ATAATATGAT	2400
	TAATATTATA ACAATTGCGT TTGAAGTGAT AACATCAAGG TTAGCAATTT TAAACAAAAT	2460
	GAGTTATCAA GATAACAGAT GTTAAAAGTG AGGAGAATAT AAATGAAAGC ATCACGCATT	2520
30	CTATTCGGTA TCGGTGTTGG CGTAGCAGCT GGTTTTGTAG TTGCACTTCA AGGACGTGAC	2580
	GACAAAAGTG TCAAGAACAA CACGATCGAT CGTACTGCCC CTACTGGTTC AAAATCAGAA	2640
	CTACAACGTG AATTTGAAAC GATTAAACAA AGTTTTAATG ACATTTTAAA CTATGGTGT	2700
35	CAAATTAAAA ACGAAAGTGC GGAATTTGGT AGTTCAATTG GTGGTGAAAT TAAGTCATTA	2760
	CTTGGAAGT TCAAATCTGA CATTATCCT AATATTGAAC GTTTACAGTC ACACATCGAA	2820
40	AATTTACAAA ATCGTGGCGA GGATATTGGA AACGAAATTT CTAAGTAGCA GGTTACGTTT	2880
	TCGATCACAA CTATTTTTAT TAGTAACAGC ATATTTATTT TTTAAAATTA AATGCCAAAT	2940
	AAACGAGATG ACATTAGAAA TTAGATATTT CTGTGCATCT CTTTTTTAAA ACTCAAATGA	3000
45	ACTTATGTTT ACAAATTATA GGAAGACATT GTTTGTAGTG ATTTTCGCTT AAATCATATT	3060
	TATGAATTGA TTGAAAACAT TGCTTAGGAT TCATTGTGTT ATCCTTGCAC TTTGATTACG	3120
	CTTTACTTAA ATCATTATCG ACAAACAACA TACTTATATT TTCATTGAGC CGAACCTTAT	3180
50	ATACACATTA CATATACCTT ACTTGACAAA ATTATTAATC TGGTGTTTAT TATAATTACA	3240
	TATCACTATA TTTTtagCAT TTGTATAACT TAGTTGGTCA AAAGATGCTT TTGCATATGC	3300

55

EP 0 786 519 A2

	TTTCATAAGT GATGCTTTAT TAGCAAGAAT ATGTGTTTCG AGAAATTTGT TCTGCATTCT	3420
	ACTTCTACGC TAGTCAATCA GACAATTTTA CCAATCCCCA CTTTCGCGTT TCAAATCAAA	3480
5	CAATACGTCG CTCCTTTCTT CTTATATAAC AATTCTTCTA ACATGATATG TTACTATTGA	3540
	ATTACTGAAC CTGAGTTAGT TATAATCTAA CTTATATTGA AAAGAGATGA GCGGTAAGAT	3600
	ATGTTTTTAT GTAAAAGACA AATTGATATC AATGCACGAT TTGGTTTGCC TAGAATTGCA	3660
10	TTTATGAGTG CAGTTGCAAC CATCATTATG TTTTATGTTA GTTATGAAGT AATGTATTTT	3720
	TTATCTAATA CGCCATTATC AGATAGACAT TTTCTCATCT TTTTATTACT TGTATTTATG	3780
	ACGTATCCAT TACATAAAAG TATACATTTA TTATTTTCT TACCATATAG AAAATCGTTT	3840
15	AAAGTTCATA AGTTAACTAA AAGAAAATGG CTTATATTCT ATAATACCTA CGTCAATCAA	3900
	CCTGTACACA AATTTTATTT TTGCATTAAAC TTAATATTGC CGTTAATTAT CTTATCTGCA	3960
20	ATGTTCTGTTT ATCTAACAAT TTCATTCCCG CAATATGGAC ATTATTTTAT GTTCTTATTG	4020
	GCATTGAATT TCGGTATTTT CATTACAGAT TTATTATATT TAAAAATAAT TATATTTTCT	4080
	AATTATGGAC AATATATAGA AGAACATAGT ACAGGTATTA ATATTTTGAA AAAAATTAAA	4140
25	AATCCATATC ATTTATAACA AAATAATTAT AGCAAGGTGT TATTATTTGT TTTTAGGCTA	4200
	TGTAATAGCT TACAATCAAA TGTATATAGA CCTGTGTTTT TTATTTTCAT CAATTTCTAC	4260
	CCCTAAACCT AATGCTCTAG TCTGATGTCA TGGGTATTG ATTGGTGATA ATATAAACT	4320
30	ATGTTATATT CACGATGATT AACTTACAAA GGAGTTTCAA CTATGAAGAT GATAAACAAA	4380
	TTAATCGTTC CGGTAACAGC TAGTGCTTTA TTATTAGGCG CTTGTGGCGC TAGTGCCACA	4440
	GACTCTAAAG AAAATACATT AATTTCTTCT AAAGCTGGAG ACGTAACAGT TGCAGATACA	4500
35	ATGAAAAAAA TCGGTAAAGA TCAAATTGCA AATGCATCAT TTACTGAAAT GTTAAATAAA	4560
	ATTTTAGCTG ATAAATATAA AAATAAAGTT AATGATAAGA AGATTGACGA ACAAATTGAA	4620
	AAAATGCAAA AGCAATACGG CGGTAAAGAT AAATTGAAA AGGCCCTTCA ACAGCAAGGT	4680
40	TTAACAGCCG ATAAATATAA AGAAAATTTA CGTACTGCTG CTTATCATAA AGAATTACTA	4740
	TCAGATAAAA TTAATCTC TGATTCTGAA ATTAAAGAAG ACAGCAAGAA AGCTTCACAC	4800
45	ATTTTAATTA AAGTTAAATC TAAGAAAAGC GACAAAGAAG GCTTAGATGA TAAAGAAGCG	4860
	AAACAAAAAG CTGAAGAAAT TCAAAAAGAA GTTTCAAAAG ATCCAAGTAA ATTTGGTGAA	4920
	ATCGCTAAAA AAGAATCAAT GGATACTGGT TCAGCTAAAA AAGATGGCGA ATTAGGTTAT	4980
50	GTTCTTAAAG GACAACTGA TAAAGATTTT GAAAAAGCAC TATTTAAGCT TAAAGATGGT	5040
	GAAGTATCAG AGGTTGTAA ATCAAGCTTT GGATATCATA TTATTAAAGC TGATAAACCA	5100

55

EP 0 786 519 A2

	AAAAATCCAA AATTATTGAC TGATGCATAC AAAGATCTAT TAAAAGAATA CGATGTTGAC	5220
	TTTAAAGATC GTGATATTAA ATCAGTTGTC GAAGATAAAA TCTTAAACCC TGAAAAACTT	5280
5	AAACAAGGTG GCGCACAAGG CGGACAATCC GGCATGAGCC AATAACACAA AACCGAGCGA	5340
	CCGTGGTTCA AAAATCATAC CACGGCCGCT CGGTTTTTTC GCATTAAAAA TCGGACAGAT	5400
	GAGCTCATGT TTCAGTATAC TCATCTGTCC GATATCTTTT AATTCTTAAT CGAGTGATTG	5460
10	AGGATTGTAG AATCTACGAT TTTCAAGACC AAATATTTTA TCTGTAAACT GACCCTTGTC	5520
	AGTTTTTTTA TATGCCTTTT CAAACATATT CATTCTAGCA TCGATATTAT CGATATAGCA	5580
15	TAAAATTCTT GCTTCTTTTA AGTATGGCAG TTTTGGAGAA CCATACTCTA ACTTACCATG	5640
	ATGAGATAAA ATCATATGTC TTAACAACAT GATTTCTTCT CCTTCAATGT TCAATTCACG	5700
	AGCTGCTTCA ACTACTTCAT CACTCGCAAT CGAGATGTGT CCTAATAAGT TACCTTCGAC	5760
20	TGTATACGAC GTCGCAACAG GACCACTCAA TTCTCTAACT TTACCAATAT CATGCAAAAT	5820
	AATACCACTA TATAACAAAC TTTTGTTTAA CAATGGATAA ATGTCaCAAA TTGATTTTGC	5880
	AATACGTAAC ATCGTTAATA CATGATAGCT TAAGCCACTC GCAAAGTTAT GaTGATGAGA	5940
25	ACTAGCAGCT GGATATGTGT AAAATCGTTC TTGATATTTT TTCAATAAAT GACGTGTGAT	6000
	ACGTTGTAAA TTAGCATTTT CAATATCTAG CAAATAATGA GAAATCTCTT CTTGTATTTT	6060
	TGCCGGTGAT AAAGGTGCAC CATCTACAAA TTGTTCTGTT TTTAATTGAT CTTCAGTTGT	6120
30	CGCTAGTCTA ATTTGGTTGA CTTTCATCTG TTTATTTCCG CGATAGTTTA TGATGTCACC	6180
	TTTAACATGT ACAATTTCTT CAGGCTTGAT TGTGCCATA TCATTTTTTG TAGCCGTCCA	6240
	AAATTTGCTT TCAATTTTAC CACTTTTATC TTGCAAATGT AATGTCATAT AATCTTTACC	6300
35	TTGTGCTGTT ACACCCTGTG TAGCTTTATG CACTAAGAAA AAGTGATCAA CTGAATCTCC	6360
	GGGA ¹ TTAGA TTCTCTATAT TTCTCATCGT TTCCCGCCTT CCTCTATTTT GTTTAATGTA	6420
40	ATCACTTCTT TTGATGGAAC AATATTATCT TTTACACATG TAAAGTATAG TACTTGATAG	6480
	TGTTCTGATA ATGATCGTAA ATAATTCAAC ATTTTTTTCAG TACGTTTTTT ATCAAAATGA	6540
	ACAAATGCAT CATCAACAAT TAATGGGAAC GGATAATATG GTCTTAGTAC CTTAATTAAA	6600
45	CTGATACGTA AAGCTACATA AAGTAATTCT TTTGTAGATT GACTTAGTTC AACAGGATCA	6660
	TATAATTGAC CATTAACATG TTTAACCGTA ATTGAATCTT CATTATAGTT AATCATCGTA	6720
	TATCTGCCAT CTGTTAAATG CTTCAATATT TCTACCGCTT CATTAATAAC TTGAGGCAAA	6780
50	CGTTTATCTT TAATTTGTTT AATGTGTTCA TCAACTAAAC TTTGTAAATA ACTTAAACTT	6840
	GCCCAATCTT TTGCGATATC ATTAAGTTGA TTTTAAAGAC TGTGATATTC ATGTCTTAAA	6900
55		

	GCTTGCATTT CAAGATATTG CTCATTATAT TCGTCAACTT GAGTAGCCAA TAAATGATCT	7020
	TCTTCTTCAA GTTGTGCAGT TGTTTTTTCA CTTAACTAG AACTTAATTC ATAAGAATAG	7080
5	TTTTGGTTCT CAAGATATTT AGTTAAATCA TTAAACGAC TCAAATTACT AGTATAAGTT	7140
	TGGTAATCTT CATGATGTTG GTAAAAATCT TCITCAGTAC CAACATTGAT AAAATCGAAT	7200
	AGTGCTGTAA TTTCTTTAAT ATTTTCTTCT AATTGAGCAT TTAAATGATT TAATTCATTT	7260
10	GTAACAAGTT TGGTATTTTC AGCATTAAATA CGCCATTTTT CATTCGTGTC TTCAGCTGAT	7320
	TTCAACCATT GTtGCACATC GTGGAATAAA GATAATTTGT TGAAATAAAC AAATTGTGAT	7380
	TTTGTAACAG CTTCAGCATG ATTGTAGAAT GTATCTAATT CTTGAACCAA TTGCTGGCGT	7440
15	TGTTGATTTA AATCACTGAT ATGTTGATCT AATGCTTTAA TATTCGCCAT TGTAGAAATA	7500
	CTATCAACAA TTAAATCATT TGAAATTTTA GATGATAAGT ATAATTCATC CTTAACGTTT	7560
	TCAACTGTCG ATTGTAATTC ATCATGACGC CCTTTCGCAT CATTTAAACG ACCTTCAATA	7620
20	TACTGACGTT TCTCTTCTAA AATATCTTTA TTTTCAAAG CTTGTTGCCA GTGATCACGA	7680
	ATGCGATATT GCTCATCAAG ATCAAAATCT AAGTCATAAT TTTTCTCTAA AATGGCTAGT	7740
25	TGTGCTTTAA TTTCTTCGAT TTCATCTGTG ATGGCCTCGC TATAATCTAC TTCTTTTGAT	7800
	TTAGACATGA TGATACCGAT AACAAATACT AAAGTTAATA CTGCGAAAAT AATACCAAAC	7860
	AACATGTTGT TTGAAATAAA TGAGAAGGCA GTTAAACCAA TACCTACTAA TGTTAAAAGr	7920
30	ATAAACGTTG TTCGKAACAA TTTTGTGACGT TTTTgttTTT CTT	7963

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 169:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35	(A) LENGTH: 3958 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 169:

	ATATTGTCTT TACAATAGTT TGCTATGGAG GTAATTAACC AATAGGAGGA ATTTATAATG	60
45	GCAGTAATTT CAATGAAACA ATTACTAGAA GCGGGTGTTC mCttCGGTCA CCAAACACGT	120
	CGTTGGAACC CAAAAATGAA AAAATATATC TTCACTGAGA GAAATGGTAT TTATATCATC	180
	GACTTACAAA AAACAGTGAA AAAAGTAGAC GAGGCATACA ACTTCTTGAA ACAAGTTTCA	240
50	GAAGaTGGTG GACAAGTCTT ATTCGTAGGA nCTAAAAAAC AAGCACAAGA ATCAGTTAAA	300
	TCTGAAGCAG AACGTGCTGG TCAATTCATC ATTAACCAAA GATGGTTAGG TGGATTATTA	360

55

EP 0 786 519 A2

	GAAGATGGTT TATTCGAAGT ATTACCTAAA AAAGAAGTAG TAGAACTTAA AAAAGAATAC	480
	GACCGTTTAA TCAAATTCTT AGGCGGAATT CGTGATATGA AATCAATGCC TCAAGCATT	540
5	TTCGTAGTTG ACCCACGTAA AGAGCGTAAT GCAATTGCTG AAGCTCGTAA ATTAAATATT	600
	CCTATCGTAG GTATCGTTGA CACTAACTGT GATCCTGACG AAATTGACTA CGTTATCCCA	660
	GCAAACGACG ATGCTATCCG TCGGTTAAA TTATTAATCTG CTAATGTCG AGATGCAATC	720
10	TTAGAAGGTC AACAAGGCGT TTCTAATGAA GAAGTAGCTG CAGAACAAAA CATCGATTTA	780
	GATGAAAAAG AAAAATCAGA AGAAACAGAA GCAACTGAAG AATAATCAAC TGTGAACTCT	840
15	GACTTAGATA TAGTTTAAAT GGGTGATAAG ATATTAATGC TTATCACCTT TTTTAAAAAG	900
	AAAATCGAGG CAAATTACAA ATATTCAATT AGAGTATTGG CAATCTTGCC TATAATAATG	960
	CTAAAATCAT AATATATAAn ATGATAACTT ATTGGAGGAA TAATGAATGG CAACTATTTT	1020
20	AGCAAAACTT GTTAAAGAAT TACGTGAAAA AACTGGCGCG GGTATGATGG ATTGTAAAAA	1080
	AGCGCTAACT GAAACTGATG GTGACATCGA TAAAGCGATT GACTACCTAC GTGAAAAAGG	1140
	TATTGCTAAA GCAGCTAAAA AAGCAGACCG TATTGCGGCT GAAGGTTTAG TACATGTAGA	1200
25	AACTAAAGGT AACGACGCAt TATCGTTGAA ATCAACTCTG AAACAGACTT TGTGCTCGT	1260
	AACGAAGGTT TCCAAGAGTT AGTTAAAGAA ATCGCTAATC AAGTATTAGA TACAAAAGCT	1320
	GAAACTGTTG AAGCTTTAAT GGAAACAACT TTACCAAATG GTAAATCAGT TGATGAAAGA	1380
30	ATTAAAGAAG CAATTTCAAC AATCGGTGAA AAATTAAGTG TTCGTCGTTT TGCTATCAGA	1440
	ACTAAAACTG ATAACGATGC TTTCCGCGCT TACTTACACA TGGGTGGACG CATTGGTGTA	1500
	TTAACAGTTG TTGAAGGTTT AACTGACGAA GAAGCAGCAA GAGACGTTGC TATGCATATC	1560
35	GCTGCAATCA ACCCTAAATA TGTTTCTTCT GAACAAGTTA GCGAAGAAGA AATCAACCAC	1620
	GAAAGAGAAG TTTTAAAAACA ACAAGCATT	1680
	AAAATGGTGG AAGGACGTTT ACGTAAATAC TTACAAGAAA TTTGTGCTGT AGATCAAGmT	1740
40	TCGTTAAAAA CCCTGATGTA ACAGTTGAAG CTTTCTTAAA AACAAAAGGT GGAAAACTTG	1800
	TTGACTTCGT ACGCTATGAA GTAGGCGAAG GTATGGAAAA ACGCGAAGAA AACTTTGCGG	1860
45	ATGAAGTTAA AGGACAAATG AAATAATCTG TCATAAAGTA AAACAAGGAA GAAGACACCT	1920
	TTAATGTTGC TTTATTAAAA TGTAATCAT TCTAATAAAA CGACAACTGT GTCTTCTTTA	1980
	CTTGATATG TTACATATAT TCACGATAGA GAGGATAAGA AAATGGCTCA AATTTCTAAA	2040
50	TATAAACGTG TAGTTTGTAA ACTAAGTGGT GAAGCGTTAG CTGGAGAAAA AGGATTTGGC	2100
	ATAAATCCAG TAATTATTAA AAGTGTGCT GAGCAAGTGG CTGAAGTTGC TAAAATGGAC	2160

55

EP 0 786 519 A2

	TTAGGTATGG ACCGTGGAAC TGCTGATTAC ATGGGTATGC TTGCAACTGT AATGAATGCC	2280
	TTAGCATTAC AAGATAGTTT AGAACAATTG GATTGTGATA CACGAGTATT AACATCTATT	2340
5	GAAATGAAGC AAGTGGCTGA ACCTTATATT CGTCGTCGTG CAATTAGACA CTTAGAAAAG	2400
	AAACGCGTAG TTATTTTTCG TGCAGGTATT GGAAACCCAT ACTTCTCTAC AGATACTACA	2460
	GCGGCATTAC GTGCTGCAGA AGTTGAAGCA GATGTTATTT TAATGGGCAA AAATAATGTA	2520
10	GATGGTGTAT ATTCTGCAGA TCCTAAAGTA AACAAAGATG CGGTAAAATA TGAACATTTA	2580
	ACGCATATTC AAATGCTTCA AGAAGGTTTA CAAGTAATGG ATTCAACAGC ATCCTCATTC	2640
	TGTATGGATA ATAACATTCC GTTAACTGTT TTCTCTATTA TGGAAGAAGG AAATATTAAA	2700
15	CGTGCTGTTA TGGGTGAAAA GATAGGTACG TTAATTACAA AATAAATTTA GAGGTGTAAA	2760
	ATAATGAGTG ACATTATTAA TGAAACTAAA TCAAGAATGC AAAAATCAAT CGAAAGCTTA	2820
20	TCACGTGAAT TAGCTAACAT CAGTGCAGGA AGAGCTAATT CAAATTTATT AAACGGCGTA	2880
	ACAGTTGATT ACTATGGTGC ACCAACACCT GTACAACAAT TAGCAAGCAT CAATGTTCCA	2940
	GAAGCACGTT TACTTGTTAT TTCTCCATAC GACAAACTT CTGTAGCTGA CATCGAAAAA	3000
25	GCGATAATAG CAGCTAACTT AGGTGTTAAC CCAACAAGTG ATGGTGAAGT GATACGTATT	3060
	GCTGTACCTG CCTTAACAGA AGAACGTAGA AAAGAGCGCG TTAAAGATGT TAAGAAAATT	3120
	GGTGAAGAAG CTAAAGTATC TGTTGAAAT ATTCTGTCGTG ATATGAATGA TCAGTTGAAA	3180
30	AAAGATGAAA AAAATGGCGA CATTACTGAA GATGAGTTGA GAAGTGGCAC TGAAGATGTT	3240
	CAGAAAGCAA CAGACAATTC AATAAAAGAA ATTGATCAAA TGATTGCTGA TAAAGAAAAA	3300
	GATATTATGT CAGTATAAAA CTAATATACA ATGACATATT AAAATGCCAG TATTAAACGA	3360
35	TAATGTAACA TTTAAAATGG GCATGTTTAA TTAAATCAAA GATGCATGTG ATAATTTAAA	3420
	TTCAATGA GCATAAAAAT GGTGTTTAAA CAAGTTAATT AAACATATAC TTTATAAATA	3480
40	ATAGGCATTA GGTATATTGC TATAATAAAG TTATGTAATT TTTAACCTCA GTATGTATGT	3540
	CACATTCTCG GTGTAACTG TACCGAGTCA GACTTTGGTA CAGTTTTTTT ATTTGCTTAT	3600
	TCAATGCATT AAATGAGTAT GATAAAATGA TAATGATTGT TTAGTAACTT ATACTATATG	3660
45	ACAGAGATGA TCAGGCTCGG AGGAAAGACC ATGTTTAAAA AGCTAATAAA TAAAAAGAAC	3720
	ACTATAAATA ATTATAATGA AGAATTAGAC TCGTCTAATA TACCTGAACA TATCGCTATT	3780
	ATTATGGATG GTAATGGGCG ATGGGCTAAG AAGCGAAAAA TGCCTAGAAT TAAAGGTCAT	3840
50	TACGAAGLAT GCAAACAATA AAAAAATTA CTAGGGTAGC TAGTGATATT GGTGTTAAGT	3900
	ACTTAACTTT ATACGCCTTT TCCACTGAAA ATTGGTCAAG ACCTGAAAGT GAAGTAAA	3958
55		

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5333 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 170:

10 ATTAAACAA CTTAATATAC CTATTTATGG TGGTCCTTTA GCATTAGGTT TAATCCGTAA 60
 TAAACTTGAA GAACATCATT TATTACGTAC TGCTAAACTA AATGAAATCA ATGAGGACAG 120
 15 TGTGATTAAA TCTAAGCACT TTACGATTTT TTTCTACTTA ACTACACATA GTATTCCTGA 180
 AACTTATGGC GTCATCGTAG ATACACCTGA AGGAAAAGTA GTTCATACCG GTGACTTTAA 240
 ATTTGATTTT ACACCTGTAG GCAAACCAGC AACATTGCT AAAATGGCTC AATTAGGCGA 300
 20 AGAAGGCGTT CTATGTTTAC TTTCAGACTC AACAAATTCA CTTGTGCCTG ATTTTACTTT 360
 AAGCGAACGT GAAGTTGGTC AAAACGTAGA TAAGATCTTC CGTAATTGTA AAGGTCGTAT 420
 TATATTTGCT ACCTTCGCTT CTAATATTTA CCGAGTTCAA CAAGCAGTTG AAGCTGCTAT 480
 25 CAAAAATAAC CGTAAATTTG TTACGTTCCG TCGTTTCGATG GAAAACAATA TTAAATAGG 540
 TATGGAACCTT GGTTATATTA AAGCACCACC TGAAACATTT ATTGAACCTA ATAAATTTAA 600
 TACCGTACCG AAGCATGAGT TATTGATACT ATGTACTGGT TCACAAGGTG AACCAATGGC 660
 30 AGCATTATCT AGAATTGCTA ATGCTACTCA TAAGCAAATT AAAATTATAC CTGAAGATAC 720
 CGTTGTATTT AGTTCATCAC CTATCCCAGG TAATACAAA AGTATTAAAC GAACTATTAA 780
 TTCCTTGAT AAAGCTGGTG CAGATGTTAT CCATAGCAAG ATTTCTAACA TCCATACTTC 840
 35 AGGGCATGGT TCTCAAGGTG ATCAACAATT AATGCTTCGA TTAATCAAGC CGAAATATTT 900
 CTTAECTATT CATGGTGAAT ACCGTATGTT AAAAGCACAT GGTGAGACTG GTGTTGAATG 960
 CGGCGTTGAA GAAGATAATG TCTTCATCTT TGATATTGGA GATGTCTTAG CTTTAACACA 1020
 40 CGATTCAGCA CGTAAAGCTG GTCGCATTCC ATCTGGTAAT GTACTTGTG ATGGTAGTGG 1080
 TATCGGTGAT ATCGGTAATG TTGTAATAAG AGACCGTAAG CTATTATCTG AAGAAGGTTT 1140
 45 AGTTATCGTT GTTGTTAGTA TTGATTTTAA TACAAATAAA TTACTTTCTG GTCCAGACAT 1200
 TATTTCTCGA GGATTGTAT ATATGAGGGA ATCAGGTCAA TTAATTTATG ATGCACAACG 1260
 CAAATCAAA ACTGATGTTA TTAGTAAGTT AAATCAAAAT AAAGATATTC AATGGCATCA 1320
 50 GATTAAATCT TCTATCATTG AACATTACA ACCTTATTTA TTTGAAAAAA CAGCTAGAAA 1380
 ACCAATGATT TTACCAGTCA TTATGAAGGT AAACGAACAA AAAGAATCAA ACAATAAATA 1440

55

	GCTTTTCTT TATATATGAT GAGCTTGAGA CATAAATCAA TGTTCAATGC TCTACAAAGT	1560
	TATATTGGCA GTAGTTGACT GAACGAAAAT GCGCTTGTA CAAGCTTTT TCAATTCTAG	1620
5	TCAGGGGCCC CAACATAGAG AATTCGAAA AGAAATTCTA CAGGCAATGC GAGTTGGGGT	1680
	GTGGGCCCCA ACAAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGTA AGTTGGGGTG	1740
	GGACGACGAA ATAAATTTTG AGAAAATATC ATTTCTGTCC CACTCCCGAT TATCTCGTCG	1800
10	CAATATTTT TTCAAAGCGA TTAAATCAT TATCATGTCC AATCATGATT AAAATATCAC	1860
	CTATTTCTAA ATTAATATTT GGATTGGTG AAATGATGAA CTCTTGCCT CGTTTAATTG	1920
	CAATAATGTT AATTCCATAT TGTGCTCTTA TATCTAAATC AATGATAGAC TGCCCCGCCA	1980
15	TCTTTTCAGT TGCTTTCAT TCTACAATAG AATGCTCGTC TGCCAACTCA AGATAATCAA	2040
	GTACACTTGC ACTCGCAACA TTATGCGCAA TACGTCTACC CATATCACGC TCAGGGTGCA	2100
20	CAACCGTATC TGCTCCAATT TTATTTAAAA TCTTTGCATG ATAATCATTT TGTGCTTTAG	2160
	CAGTTACTTT TTTTACACCT AACTCTTTTA AAATTAAAGT CGTCAACGTA CTTGATTGAA	2220
	TATTTTCACC AATTGCCACA ATGACATGAT CAAAGTTACG GATACCTAAA CTTTTCATAA	2280
25	CTGCTTCATC TGTAGTGTCT GCAACAACCG CATGAGTAGC GATATCACTA TATTCATTCA	2340
	CTCTATTTTC ATCATGGTCG ATGGCCATTA CATCCATGTC TAATGCATT C AACTCACGAA	2400
	CGATACTACC TCCAAACGA CCTAGACCGA TGACTACATA TTCTTTACCC AACTCGCCC	2460
30	TCCATTAAAT GATTTTCATC AATTCATTGA AAATATAAAT TTAAAATTAT TATAAATGAG	2520
	TACCCCAACT AAATTATCTA AATGCAGTAA TGCAAGTAAA TGAAAGTTGG GGTATCGTCT	2580
	CAACTTATGA TTTCTTCTCT TCAACATATT CTTTGTGCGA ACAAATAAT CTTAATAATA	2640
35	ATATTAACGA TGGAAGTAAT AAAAGTAAAC CTAAAATAAA GACAATCACT AATGTCCAGC	2700
	CCATTTCTGG ATTAACATAT GCATCTGTAA TTTTACAAA CGGATATAAA AGGTATGGCA	2760
	ATTTACTAAT TCCATAGCCA AAGAACGCGA ACATCATTTG TAAAATAACA AATACAAAAG	2820
40	CCAAACCATG TTTTCTTA AAGAATGTTA ACAATGAAGC TAATGCAAAG AATAAGAAAC	2880
	TTATACCAA CATCCACCAA TAGTCAAAAA CAGCTGAATA AAAATGTTCA GAATTTTGAA	2940
45	TGCGTAATGA TAGAAATACG AATAAACAAA TGATAATCAT CGGCGGCCCT AAAAATATGT	3000
	GCCATTGTCT TGTTAAATTA TATGCTGGTT CGTCATTTGC TTTTITAGCA TAATATGTCA	3060
	AAAATCCTGA TGAAATATAT AAAACTGAAA TAATTGCCAA GAATACTACA GACCAAGCAA	3120
50	ATGGGCTTAA TAATAACTGC ACCCAATCTA GATCGATAAC ATTGTTTCGA ACATTAATAT	3180
	AGCCACCTTC TGTAATAGTT AAAGCAGTAG ATAATGAAGC TGGAATTAAT AATCCACTTA	3240

55

EP 0 786 519 A2

	AAC TGT TTT CT CAAC GAT ATC ATA ATC AGT G CTAT TGA ACC TGG TAT TAA C AAT ACC GTG C	3360
	CTAA ATAT TT GATT GACT CT GGAA AGAA AC CTAC GAAT CC TAC GAAGA AG AAA ACAAGA	3420
5	ATAC ATT CGT AACT TCCCAA ACT GGG TTTA AATA ACGT GA AATTA AGT GA TTAAT TTT CT	3480
	TTT CAT CACC AGT TAACT TT GAAT GCAAT G CGA AGAA ACC TGC CCAAAA TCT ATAGA AG	3540
	CAATA ATGAT ATAG CAAAAT AAAA ACAACC ATA ACACT GT TATAC CTATA AATGC ATAAA	3600
10	TCAT TTTT CT ATTT CTCT C CTGCT TCTT GGCT AAAC GA TTTAC ATCTT CATAC GCCGG	3660
	TTTAT TTTTA AACATAC GAA TTAATAC GTA TGCACAT GTA TACATT AAAA TGATGTACAA	3720
	TATGCCAAAT AAAATTGTAA CGAaGGTTAT TCCGCCTGCT TGTGTTGCTG CTTCTGCCAC	3780
15	GCGCATATAA CCACGAACAA TCCAAGGCTG TCTACCCATC TCTGTTAAGA ACCATCCAAA	3840
	TTCTATAGCT AGCATTGAAG CTGGGCCTGT TAATAATATT CCATAAAGCA TCCATTTATG	3900
	AGTAGAAAAC TTTCTAAGCT TTTTAAACAT TAAAGTTAAG ACATAAACAC CTGAAATGAC	3960
20	AAACATATAA ATTCCCATCG TTACCATTAA ATCAAAGAAA TAATGGACGA TCATAGGCGG	4020
	ATGTAAACTT TTTGGAAAAT CATTTAACCC TTGTACTTTA GTTTTGACAC TATTATCTGC	4080
25	TAAGAACTC AATAGTCCAG GTAATTCAAT CGCACCTTTA ACTTGCTGAG TCTTTTCATC	4140
	TAACACACCA AATAATAATA ATTTGGCATG GGAAGATGTA TCGAAATGCC ATTCATAAGC	4200
	TGCTAATTTT TCAGGTGGA ATTTATGCAA AAATTTTGCA GATAAATCCC CTGCCAACAT	4260
30	AGAAAGTAAT GTTGAAAAGA ATCCAACAT CATAGACATT TTCAAAGCTT TCTTATGGTA	4320
	GACAGTATCT TTAGGTTGAC GATTACGCAA TAATTTAAAA GCTGCTATTG ATGCAATAAC	4380
	AAATGCCATC GTCATACCGG CTGTAGTAAT TACGTGAAAT GATCGAACTA TAAACGATGG	4440
35	GTTAACATC GCTTCTATAG GTTGAACATT GACCATCTTT CCATTCTTCA ACTCAAAACC	4500
	TGCA G GCGTA TTCATAAATG AATTCATGA AGTAATGAAG AATGCTGAGA AAGAGCCACC	4560
	AATAATTACT GGTATACTAA TTAAGAAATG TGTCCATTTA TTTTAAAAAC GATCCCAAGT	4620
40	ATATAAATAT ATACTTAAGA AAATAGCTTC AAAGAAGAAC GCAAATGTTT CCATAAATAA	4680
	TGGAAGTGCA ATAACGTGTC CACCCATTTC CATAAATGTA GGCCAAATCA ATGATAATTG	4740
45	AAGTCCTATA ATTGTACCTG TAACAACCTCC CACTGCTACA GTAATTGTAT AAGCTTTAGC	4800
	CCATCTTTTG GCCATAGCTA TATATTGAAG ATCATTTTTG CGAATACCTA AAAATTCTGC	4860
	AATTGCGAAC ATTAAAGGCA TACCAACACC AATCGTTGCA AAAATGATAT GAACTGCTAA	4920
50	AGTCATAGCT GTCAAAAACC GACTGATTTT AACTGTATCC ATTTAAAAAC ATCACCTTTT	4980
	TCTTTTTTTG ATGACAACAC AATGAACTTA ATTATAATTG CTATAATGTG TATTTTTTAA	5040

55

GAATTTCAAT GTATAATTGT GTATATTACA TTAGAATAAA GCACGAAGGA GCATGATACA 5160
 TGTACAGAAAT AATCGTTTAT ACGCAGAATG ATTGTCCACC TTGTACATTT GTAAAAAATT 5220
 5 ATCTAAATGA GCATCACATT GATTTTGAAG AGAGAAATAT CAACAATCAA CAATATCGAA 5280
 ACGAAATGAT AGATTTTGTAT GCTTTTTCAA CTCCGTTTAT TTTGTTGAAT GGC 5333

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 171:

10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 11126 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 171:

20 ATACGTGACC CTTTATCCGA AAATTTCTTT TCATATTCTG TTAAATATT ACTGCCATCG 60
 TCTTCTTGAT GTAAATTTAG ATTTATTTTT GTAAATACA TTCCAAATTG AGACATACTT 120
 TCTAAACTGT AGGCAAATAG TCCTCTGTTA TCAGTTTTAA AATGTAAATC TCCTTCATCA 180
 25 TTTAAGATTT GTTGATACAA CGCTAAAAC GTATGATACG TTAAACGTCG TTTTGTCATGA 240
 CGATTTTTTG GCCATGGATC TGAAAAGTTC AAATAAATAC GCGAACTTC GCCGTCTTTA 300
 AAATATTCAT TTAATTCAAT GGCGTCATTA CAAATAATCT TTAAATTTGT TAAACCCATC 360
 30 TCTTTAACTT TATCCAATAC TTTATAAACG ATACTTTTCT CACGTTCCAT TGAAATATAG 420
 TTAATATGAG GATTTTGAGC AGCTAATGTT GTAATAAACT GCCCCATACC CGAACCAATT 480
 TCAATGTGTA TCGGTTGCGT TTTATCAAAC CATTCAGTCA TTTTCCCTGc ATGTTGACCG 540
 35 TCCATGTCAA CCAATTCAGG ATGATCTTTT AAATAATCTT CAGCCCATGG TTTGTATCGA 600
 ACTCTCATAT TTTATCTCTC TCTTAAATAA ACATGTTACT ATTCATAACT TCATTTAGGA 660
 ATTTAAGCCA AGTGTTTATA TCCTTATATC TTTTTTGCTC TTCATACCAT TGAACAAGAC 720
 40 CTATAGATTG AATTACCGTA TACCATTTC A TACGTTTATT TAAATTC AAG CTCTCTTGAA 780
 CACCATATGT TTCAAGCCAT TCAGACCATT GTTGTTGTGG AACATAGTTG TAAAGCAGCA 840
 TTCCGATATC AATTGCCGGG TCTGCAATCA TTGCACCTTC CCAATCAACT AAAAATAGTT 900
 45 CATCTCGATC GGATAATAAC CAATTATTAT GATTCACATC ACCATGTACA ACAGTGAAAA 960
 AACGCGAATC TAAACTCGGT ATATGCTCTT CTAAATAGGT TAATGATTTT CTCACAATAT 1020
 50 GATGTGTAA AACTTCTCTT GATAAAGAGG CATTAAATTT ATTAAGCATA ATCTCAGGAG 1080
 TAATAGGTTT CATTTCCATA CGCTTTAACA TACTTAATAA AGGTCTAGAA TTGTGTATCT 1140

55

	TTTTCCAATG TTGTGCTGTA ACAACCTCGC CTGTTTCTAT GCGTTTCGTC CATACTAATT	1260
	TGGGCACAAT ACCTTCTGCT GATAATGCCG CAATAAATGG ATTTGAATTT CGTTTAAAAA	1320
5	ACAACTTTTG TCCATCTTGT TCAGCCATAT ATGCTTCACC AGATGCACCA CCTGCTGAAT	1380
	CAAGTGTC CACTAATTGA TAAACTGCT CCAACTCGTC CACCTCACTT TCAATTAGAA	1440
	AATGGCTCTA GAAATAGGTT TTTCAAGAGC CATATATTCT AATTTATAAC ACCATACTGG	1500
10	TACAAATATT ATGTCCAGAT AATTATTGTA AATCCTCAAC CAATGCCTAC ATTACACGAC	1560
	TAAATTTAAA TCGTAATGTC TGTCAATGAC ACCATACATT CTATAGTCAC TTAATTGACA	1620
15	TATAATGTTA CCGTGTCTAA AACTACATGT TTTTGAATCT CTGTAGGCGA TAAACTcTAG	1680
	TTTTCAAAAT AATTGCTATC CCAITTTTCAT GGTTAGCATA AATTTATGAA CTGTAACATT	1740
	TACGTACTTA GTAAAATATG ATGCACATCA TATTTGTAC TCATAGAAAA TTTTATAAT	1800
20	TTTATCATT TATTTCAACT GAAAATGAGA AACAAAATGG CACTTTTTAC TAATATGTGT	1860
	TTTCTAAACA ACACTTTTAA GCTTCGTTTT AAATTATAAC ATAATTCACT TACGAAAGTT	1920
	GATAAATTTA AGTAATTTAA TCTAAAAATA TGATGAAAGA ATTTTAAATA CTGTGTGACT	1980
25	CTATATACTT TTCAAATCCT TCTGTAGTT GACGTGTAAT TGGGCCAACT TTACCATCAT	2040
	TAAGTGGTTC ACCATCTAAT TTAATAACAG GTGTAACCTC AGCTGAAGTA CTTGAAACAA	2100
	TAAGTTCATC TCGTTTTTTC AAGAAATCTA CAGTAAACGT TTCTTCTTTA AATGGGATGT	2160
30	TATAGTCTTC GGCAATTTTT TTAATTACAA TTCGTGTAAT ACCATTAAGA ATATAGTTGT	2220
	TAATCGGATG TGTATAAATC ACACCGTCTT TAATTGCATA AGCATTACTT GAAGATCCTT	2280
	CAGTTACAGT TcCACCTCGA TGTGAATTG CTTCAACTGC ATTATATTTC ACAGCATATT	2340
35	CTTTTGCTAA TACATTcTCC TAATAAGTTC AAGCTTTTTAA TGTGCAACG TAACCATCGG	2400
	ATATcTTCAA CGGTAACACC ATTCACACCA TTTTCTAAAT GATCATAAGG ACGATCATAA	2460
	CTCTTTGTAT AAGCAACAAT TGCTGGTTCT ACTTCAGGTG TCGGGAAGCT ATGATTcCTT	2520
40	TCAGCTACAC CACGCGTTGC TyGAATATAA ATTGCCCCAG TTTCAATTTG ATTCATATCA	2580
	ACTAATTTAC GAGATAGTTC AATTAATTCT TCTACAGAAT AATTTAAATC TAAACCAATC	2640
45	TCATTGGCAC TACGTWAAAw TCTTTCATAA TGTTCTGTTA CTGTAAATAA CTTACCATTA	2700
	TATACTCGAA TGTATTCATA AATACCATCG CCAAATACGT ATCCTCTGTC GTTGTATGAA	2760
	ACCTTTGCTT CACTTGGACT TACAACTCA CCATTTAAAA AAATTTTTTC CATATATTAT	2820
50	TCCTCCACGC ATAATGAATA AATTGCTTCT AAGTAAATAC TAGTTGCGTT AAATAACTGT	2880
	TTTTTAGTGA TATATTCATT TTTCTGATGC ATTAAATCTT CAGAATCACT AAACATTGCG	2940

55

EP 0 786 519 A2

	TCAGTCATAT CATTGTGTTG ATTTCTATAT GCAGTAACTA ACTTTTGTAC AAAAGGATCA	3060
	TTTTTATCAA CATAATGTGG TGGTTGGACT TTACCTAATT TCACTTCAAA GCCATATTGT	3120
5	TGAATCTCAT TTGCAAAACG ATCCATAGCT TTTTCAAATT CAAATCCTTC TGGGTAGCGT	3180
	AAGTTGATAC CGAAAAGACC TGC GTTTTCA TTATCATATG TAATAACACC AATGTTAGTT	3240
10	GTCACGTCAC CCATGACATC TGTATGGAAT TTCATTCCCA TCTTTTCACC AAAATCTGAA	3300
	TTAAATAAGT AGCGATTACT AAATGCTACA AACGCTTGTG CATTATTATC AAGATTTAAT	3360
	GATGCTAAGA ATTTTAGTAA GTAAAGACCC GCATTACACAC CGATAGATGG ATCCATACCA	3420
15	TGAACCGCTT TACCTTCAAC TGTAAAACT AGAATGCCAC TATCAACAGT ACTATCACCT	3480
	TGTAAATGAT TTTGTTCTAA AAAGTACTCA AAGTCTTGAA TAACATCTGT CATATTTTCT	3540
	TTAACAAGCA CTCTTGCTTC TGCATGATCA GGTACCATGT TGTAACGTTC ACCAGATTTA	3600
20	AAAGTTATTA ATTCATAATC AGGTTTCATCT TGATCTTCAG TAAGTTTATT TTGAACATAA	3660
	TCAAATGTTG TAATGCCTTT TTCACCATGA ATACATGGAA ATTCTGCATC TGGTGCAAAA	3720
	CCTAATGTTG GCATTTCTTC TGTTTTAAAA TAGCGATCCG TACATTTCCA ATCAGATTCT	3780
25	TCATCCGTAC CAATAATCAT ATGAATACGT TTCTTCCAAT CCACATTCAT ATCTTCTAAT	3840
	ATCTTAATTG CATAATAAGC AGCAATTGTT GGACCTTTGT CATCAAGTGT ACCTCTAGCT	3900
	ATGATAGCAT CTTCTGTTC AACCGGCTCG AACGGATTAC TATCCCATCC ATCACCAGCA	3960
30	GGAACAACGT CAACATGACA TAAGATACCT AATACGTCAT TTCCTTTACC TGCCTCAATT	4020
	CTTCCTGCAA TATGATCCAC ATCATGTGTT GTAAATCCAT CTCTATGTGC AATTTTCATC	4080
	ATGTAGTCTA ATGCCTTACG AGGACCTGGA CCAACTGGTG CGTCTTCTGA TGCTTTTGCA	4140
35	TCATCTCTCA CACTTTCAAT TGCTAATAAT CCTTTTAAGT CATTAAATGAT TTGATCTTCG	4200
	TATTGTTGAA CTTTTTCTTT CCACATTGCA AATCGACTTC CTTTTTCTA TAAGTTAAAT	4260
40	TCTATTTTAC ATGAAAAGAT ATAAAACTA CAATAAGATG TCAGAAAATA ATAAAAAGGA	4320
	ACAAAACGAT GCTATTGATA TGACACAAAT CATAAATAGC TGCTTTGTTC CTTTTTTAAT	4380
	TTATATATTT AAAATACACA TATTCAAGAG CTCGAGATAT AAGTCAATGT ACTAGGCACA	4440
45	CAATTTAATA TTGACAGTAA TTAACCGAAC GAAATGCGC CCCGGGGCCC CAACATAGAG	4500
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAGACAATGC AAGTTGGCGG GGCCCCAACA TAGAAGCTGG	4560
	CCAATAGTTA GCTTTCAATA ATGTGCAAGT TGGGGTAAGG GCCCCAACAC AGAAGCTGGC	4620
50	CAATAGTCAG CTTTCAATAA TGTGCAAGTT GGGGTAAGGG CCCCACACA GAGAATTTCTG	4680
	AAAAGAAATT CTACAGACAA TGCAAGTTGG CGGGGCCCCA ACACAGAAGC TGGCCAATAG	4740

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAGAAATA CGTTTTCTTT AGATATTAGT ATTTCTTATG AATGAGTTTC ACGCATGTAT	4860
	TCTTCTTTCT ATATGCATAT TAGCTATGAC TAACGATAAA GAACCTGAAA CACTAATAAA	4920
5	TGTCCTATAG TTTACAATAT TATATTGGCA GTAGTTGACT GAATGAAAAT ACGCTTGTAA	4980
	CAAGCTTTTT TCAATTCTAG TCAACCTTGC CGGGGTGGGA CGACGAAATA AATTTTGCTA	5040
	AAATATGATT TCTGTCCAC TCCCTTATCA TTTCTGTCCT ACTCACATCT TATTCTTTAT	5100
10	CAGATAATGC ATTTTTATTCT TTTTTTAAAT CTTCTTCAGT GACGATACGT AAATTATTAT	5160
	TTGGTGTGCG CCACCTTCAT CATCAAATTT ACCTTTTTCA ATACTTTCGT CAGTCTTATT	5220
	GTCATATTCG GTAAATTTTG ATTTTTCTTC TTTGAAAAT GCTTTTGGAT TATTTTTTAA	5280
15	TCTATTAGCA TATTCTTTCG GATTGTGTTT TACTTCTTTA ATTGTTTCAT TAGCAATTGT	5340
	TCCTAATTGC GTCGCTTTAT CCTTAGCATT ATCTTTATAG CTTTGAGGAT CTTGTTTATA	5400
	TTTATTATAT TCcTGcTTTC AGCTTGTGAC GACTATCTTT ACGTGTAACA AGTACAGCTG	5460
20	CTACAGCGCC ACCTATACCT AAAATCGCTT TAAATAAATT ACCTTTTGCC ATATCAATCG	5520
	TCTCCCTTTT ATTTATAATT TAATTTGTCA AAATCATTTT CAGTTAATAA ACGATATTCT	5580
25	CCTGAATCTA AATTGCTGTC CAATTCTAAA TCAGCAATTT TGATACGTCT TAAATGTAAT	5640
	ACCTCATTTT GAATGCTATG AAACATTCTG TTAACCTGAT GATATTTTCC TTCATAAATT	5700
	GTTACGTGTG ACGTTTGATT ATCAATATAA GTTAATATTG CAGGCTTAAC CTTGCCATCA	5760
30	GTCAGTGtA CACCCTCTTT AAAAGCTTGA ATGTCGTCTT CAGTGATAGG ATTTGCTGAA	5820
	ATAACTTCAT ATTTTTTAGA AACATGTTTG TTTGGACTCA TTAATTCATG ATTAAAATCA	5880
	CCATCATTCG TTATCAATAA AAGCCCTTCT GTATCTTTAT CAAGACGACC AACCGGAAAA	5940
35	ATATTTAGAT GTTGGTATTC AGGTATTAAA TCAATAACGG TTTTGAATG ATGATCTTCA	6000
	GTTGCTGATA TATAACCTTT TGGCTTATTT AACATAATAT AGACATTTTC AATGTATTCT	6060
40	ATTAAATTCTC CACGAACTGT TATCTTATCG TTTTCTGGTT CTATATGTGT TTTTGGTGAT	6120
	TTAATTACTT GTTCGTTGAC ATTTACAAGG CCTTTTTTAA GTAACGTTT GACCTCATTA	6180
	CGTGTAACGA CGCCCATATT TGCTAAAAAT TTATCTATTC TCATCGTAAA AACCTAACTC	6240
45	TACGTCTTAA TTTTTCAGGA ATTTACCTA AGAATTCGTC CGCAAGACGC GTTTTAATTG	6300
	TGATTGTACC GTAAATTAGA ATACCTACTG TAACACCTAA AATAATAATG ATTAAGTAAC	6360
	CAAGTTTAGT AGGTTCTAAG AATAGATTTG CAAGGAAAAA TACTAATTCT ACACCTAGCA	6420
50	TCATAATAAA TGAATACAAG AATATTTTTG CAAATGAAT CCAACTATAG CTGAATTTAA	6480
	ACTTCGCATA TTTTTTAAGA ATATAGAAAT TACATCCAAT TGCAAATAAT AATGCGATAC	6540

55

EP 0 786 519 A2

	ACTTGATAAC TACAGAAGCT AAAATAACAT AAAGTGTAA TTCTGTTTA TCTATACCTT	6660
	GTAACATTGA TGCCGTTACA CTTAATAGTG AAATTAGTAT TGCTACAGGC GCATAATAGA	6720
5	ATAATAAGCG ACTACCATCA TGGTTAGGGT CATGACCTAA AACAATTGGA TCGTAACCAT	6780
	AGAAAACTGT GAATAATGGT TGTGCCAAGG CCATAATTCC AATACTAGCT GGAACAGTTA	6840
	TAAACATTAA TACACCAATA GATGTTCTAA TTTGATGATG CATTTCATGT AAGCGACCTT	6900
10	CTGCAAATGT TTTTGTAATA TAAGGAATTA AACTCACTGC AAAACCAGCA CTTAATGATG	6960
	TCGGAATCAT TACAATTTTA TTAGTTGACA TATTTAGCAT ATTAAAGAAT ATATCTTGTA	7020
	ACTGTGAAGG TATACCAACT AAAGATAAAG CACCGTTATG TGTAATTTGA TCTACTAAGT	7080
15	TAAATAATGG ATAATTCAAA CTTACAATAA CGAACGGTAT ACTATAAGCA ATAATTTCTT	7140
	TATACATCTT GCCATATGAC ACATCTATAT CTGTGTAATC AGATTGACAC ATACGATCAA	7200
20	TATTATGCTT ACGCTTTCTC CAGTAATACC AGAGTGTGA TATACCAATA ATCGCACCAA	7260
	CTGCTGCTGC AAAAGTAGCA ATACCATTGG CTAATAAAAT AGAGCCATCA AAGACATTTA	7320
	GTACTAAATA ACTTCCGATT AATATGAAAA TCACGCGTGC AATTTGCTCA GTTACTTCTG	7380
25	ACACTGCTGT TGGCCCCATA GATTTATAAC CTTGGAATAT CCCTCTCCAT GTCGCTAATA	7440
	CAGGAATAAA GATAACAACC ATACTAATGA TTCTTATAAT CCAAGTAATA TCATCGACTG	7500
	ACCAACCGTT TTTATCATGA ATGTTTCTAG CTAATGTAA TTCAGAAATA TAAGGTGCTA	7560
30	AGAAATACAG TACCAAGAAA CCTAAACAC CGGTAATACT CATTACAATA AAAGTCGATT	7620
	TATAAAATTT CTGACTTACT TTATATGCCC CAATAGCATT ATATTTGCA ACATATTTG	7680
	AAGCTGCTAA TGGTACACCT GCTGTCGCAA CTGCAATTGC AATATTATAT GGTGCATAAG	7740
35	CGTATGTGAA CGGCGCCATA TTTTCTTGTC CACCAATTAA ATAGTTGAAT GGAATGATAA	7800
	AAAGTACGCC CAATACCTTG GTAATTAATA TACTAATGGT AATTAATAAG GTTCCACGCA	7860
40	CCATTTCTTT ACTTTCACTC ATTACGAATC TCCCTATCTC ATGTTTATTA AAGTTTGTG	7920
	AACTAAAAGC TGTTTCTCTG TAAATCATT TTTCATTATT ATGAATATAT CACAAAATTT	7980
	TATTTCAATTG TCGTATATTC AATGAATTAT CATAACAAA TTATCAACAC ATTGTCAATTG	8040
45	AATACTAGAT TTTGATTAGA ATATTACGAA ATTTATATA AACATTATAC TACTATTTGA	8100
	GATGAACATC GCATAACAGT AGAAAAATCA TTCTTATCAT ACACATACAT CTTCAATTTT	8160
	TATGAAGTTC ACATTATAAA TATATTCAAC ATAATTGTCA TCTCATAACA CAAGAGATAT	8220
50	AGCAAAGTTT AAAAAGTAC TATAAATAG CAATTGAATG TCCAGTAACA AATTTGGAGG	8280
	AAGCGTATAT GTATCAAACA ATTATTATCG GAGGCGGACC TAGCGGCTTA ATGGCGGCAG	8340
55		

EP 0 786 519 A2

	GTAAACTCAA AATATCTGGT GCGGGTAGAT GTAACGTAAC TAATCGATTA CCATATGCTG	8460
	AAATTATTAA GAACATTCCT GGaAATGGGA AATTTTTATA TAGTCCCTTT TCAATTTTTG	8520
5	ATAATGAATC CATCATAGAT TTTTTTGAGT CTAGGGGTGT TAAATTAAAA GAAGAAGATC	8580
	ACGGGCGTAT GTTTCAGTT TCCAACAAAG CACAAGACGT GGTGATACA TTAGTGACAA	8640
	CTATCGAACG CCAACATGTA ACGATTAAAG AAGAAGAAGC TGTTAGTAGA ATCGAAGTTA	8700
10	ATACAGACCA AACTTTCACT GTACATACTC AAAATAATAG TTATGAAAGC CATTGCTAG	8760
	TGATTGCTAC AGGTGGTACA AGTGTCCTC AAAGTGGTTC AACTGGTGAT GGTATAAGT	8820
	TCGCACAAGA TTTAGGTCAT ACCATTACTG AGTTATTCCC GACCGAAGTT CCAATTACAT	8880
15	CAGCTGAACC TTTTCATCAA TCCAATCGTC TAAAAGGTTT AAGTTTAAAA GATGTTGAAT	8940
	TGTCAGTACT TAAGAAAAAT GGTAAAAAAC GCATCAGTCA TCAAATGGAT ATGTTATTTA	9000
	CTCATTTTGG TATCAGTGGT CCAGCTGCAT TAAGATGTAG TCAGTTTGTT TATAAAGAAC	9060
20	AAAAAATCA AAAGACACAG CACATTTCTA TGGCAATCGA TGCATTTCTT GAATTAAACC	9120
	ATGAACAATT AAAACAACAC ATCACATCAT TATTATCGGA CACACCAGAT AAAATCATT	9180
25	AAAACAGTTT GCATGGTCTA ATTGAAGAGC GCTACTTACT GTTCATGCTG GAACAAGCAG	9240
	GAATCGATGA AAATACCACA TCACATCACT TATCAAATCA ACAATTGAAC GACTTAGTAA	9300
	ATATGTTTAA AGGGTTTGTA TTTAAGGTGA ACGGGACATT ACCTATAGAT AAGGCATTTG	9360
30	TCACAGGTGG TGGTGTGTCA CTTAAAGAAA TTCAACCTAA AACAATGATG TCTAAATTAG	9420
	TTCCGGGATT ATTTTATGT GGTGAAGTAT TAGATATACA TGGTTATACT GGTGGTTATA	9480
	ATATTACAAG TGCACTCGTA ACAGGACATG TCGCTGGATT ATATGCCGGA CATTACTCAC	9540
35	ATGCATCAAT GGAATAATAG TATAAAATTT GGTTCGATTC TCTTTAGTAG ATCAACTTTT	9600
	TCATTCAAAT AAAAATGACC TTAATATAAC TGAGTCACTA AAAAGTGTCTG TTATATTAAG	9660
	GTCAATTTCGT TAATTATGAT TCTTTTTCGT TTTTAGTACG TCTTCTAGCT AACAAAGCCG	9720
40	CACCTGTAAT CAGTGCAAAT TCTTTCAATG GTAAATCCAT TCCTTCAGAA CCTGTATTTG	9780
	GAAGTTCITT TTCAACTTTG CGCGATTCAT GTGTCTCTTC TTTTAAATA GCGGTACAAA	9840
45	CTTTTGGAGC TGGCTGAATT TCTTTTGGTG ATACTTTCGT CGCTTCAGCT GGTAATTTAA	9900
	TTGCTAAAAT TTCATCAACA ATGAATTGCG TGTGTTGTTT GATGTCATTT AATGTCGCAT	9960
	CTTCATCAAT CATTCTATTG CCATCTGCAA CATATTGATC AATTAATACT TTTACTTTAG	10020
50	CTAATTGTTT TGGTGTGCG ATCGCTTTGA ATTTGCGATA TGTGTTGTTA GCAATGTTAT	10080
	CAATTCGCAG TAAGCTATTT TCTTTTTCAG TAATTACTGC TTCTATATCG CTTAATGCAA	10140

55

EP 0 786 519 A2

CATCCATTG TAATTTTAAA GCAGTTATAG CTTTAAATGC ATCAGCCTTA TTACGATTAC 10260
 TTACTTTTCG ATAATTTTGC ACTAAAGCAG TGACGCGTGC AAGATCATCA TTAATCGTTT 10320
 5 TTTACAGCATC TGGCTTTTAA ATAGGATGTA CATCTAAATC ATGTATTGTT TGTAGATTTA 10380
 ATGATGCTGT TTTATCAACT TGTGCATTGC TACGATCTTG ATCAATTTGT CCAATAGCAG 10440
 TGTCAATAAT ATTTTGTAAC TGTGCTAATA TACTATTCTT TTCTTCTACC GTTGCTTGAA 10500
 10 TATTCGCTTC AATTGCTTGT TTTTATCGT TGAATAATGT TGCAATTGT TCTCGAGCAG 10560
 ACGCCTTTCT GTTAATAACA GGTTCGATTT CACGAATTC GTTTTCTCA TCATGCAATA 10620
 AATATGCCAC ATCTGCATTA GTCACGAC TAGCAATTTG TTGTTTAGCT TTAATTAAC 10680
 15 CTTTTTCAAC TTGTGCTATT GCAATATTTT GTTCTTCATC TGTCGCTTCG TTATTGCTT 10740
 TAATTAAATT AATTTTATTT GTAGCGATAT TTTGAATTTG TTGTAATGCT GTTGCTTTAA 10800
 CTGTTGTCGC TGGTTTAATT TTTGAAATAA TATTTTGAGC ATTTATACTA TCTTGATTAA 10860
 20 CTTGGGCAGT CTTATCTGCA TGATTGATCT GATCAATAGC CTGATTAACT GCTTGTTCTA 10920
 CTAAATGTTT AGCAGCTAGT CTTTCTTCTT CAGTTGATAA ATCGCTTTGA TCGATTAGTG 10980
 25 CATTTTGAGC TTCGGCTTTT ACACCAACAG ATTGACGCGC TGCTGGTTTA ACTTGAAC 11040
 TAGGTAAAT CACTTTGATG TTGTCGTTGC CATCAGTCnC AGTnCGATCC ACTTCTGCAT 11100
 TCGTTTIGTT TTGTGCAATG TCATTT 11126

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 172:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3660 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 172:

TTGCCCCGCA CGGCGGTGTG nTTCCTAGAA ATAATGAATA TAAAGaGAAA TATATAACAA 60
 CGATTTTGAA TTATGAACCT GGTGATATCG TTACAATCAA ACGTGTGAGA GATAAGACCG 120
 45 ATTTGCTAAT ATATTTGTCT AGTAAAGATA TTTCTATTGG TAATGAAGTG GAAATTGTAT 180
 CGAAAGATGA AATGAATAAA GTAATTATCA TTAAACGTAA TGATAATGTA ATTATTGTCA 240
 GTTACGAAAA TGCAATGAAC ATGTTTGCTG AAAAATAAAA TAAAGAAGCC ATAAAGATAT 300
 50 CCATGATTGA ACTGATAAAG ACATATGGAT AATTGCTTTA GGCTTCTTTT TTATTAGTTA 360
 ATTTATCAAG TGAGTATATT TGAGTAAAT ATTCACGCA TAAAGATTGA AGATAATCCA 420

55

EP 0 786 519 A2

	CTGTGGACTC GGACGCTGGA AAGTCAATTT AGCAATCGTC CAACTAGATT GTAGAACTTC	540
	GCCTAATAAT ACACCTAAAA TATATTGATA ACTCATTGTG ACAAGTAGTT GAATTTCTAC	600
5	TATATTTTCA TCTTTTAATA TAAAATACAA CATGATAGAA ATTAAAGTTA TAACAACAAT	660
	GGGTGAGCCT TTTCTAGATG TTAAAATTAA AAAATAAATA AATATCAATA AATAGGTAAA	720
	TATAAAGAAA CTAGGTATCT GATAATGGCT CGACGCTAAA CCTATCAATA ACATAATAGG	780
10	TGGCATAAAA TAACCACCAA TCGTTGTAAG CCATTGGCCT GCTAGATGTC TAGATTGTGT	840
	AATTGCGAAT CCTTGTGTGA ATGTCTGTTG TCGCTCTCGT GGACTTGTTA CAATGACTAA	900
15	ATCTTTTGCA CGGCCACCAG CGAGTTTATT AAACAGTACA TGACCAAATT CATGTGTAA	960
	AACAGGGATA TAGTTTAAAA TGACATCTAA ATAGTTCAAA ACAGGCTTAT GTCTATATTG	1020
	ATGAATAGCA ATATAACAAG CTGCAACAAT AACGATAATG TATATATTAA GTTGAATTGT	1080
20	CGTATTAAAA AAGTTTGATA AATAATTCAT TGTTAACCTC ATATAAGATA TTAATTTAAA	1140
	GTGTGCTTAT CACTTATTAT AAATGATATT GGCATCAATA GCGTTAGACT TTAGACTTAC	1200
	CTTAGTTAAA CTAATTTTAA TTTTGA AAAA GGTGAATATG TGTAAAATA AAGCAAAATC	1260
25	ATTTGATAT AAATAGGATG AATATAAATA CTGTTAATAT TGATTACACT AACATAATAA	1320
	TGAAATAAGA TAGGAGATTC CTGTTATGAC TGTTGAAGAA AGATCCAATA CAGCCAAAGT	1380
	TGACATTTTA GGGGTCGATT TTGATAATAC AACAAATGTTG CAAATGGTTG AAAATATTAA	1440
30	AACCTTTTTT GCAAATCAAT CAACGAATAA TCTTTTATA GTAACAGCCA ACCCTGAAAT	1500
	AGTGAATTAC GCGACGACAC ATCAAGCGTA TTTAGAGTTA ATAAATCAAG CGAGCTATAT	1560
	TGTTGCTGAT GGGACAGGAG TAGTCAAAGC TTCGCATCGT TTAAAGCAAC CTCTAGCGCA	1620
35	TCGTATACCT GGTATTGAGT TGATGGATGA ATGTTTGAAA ATTGCTCATG TAAATCATCA	1680
	AAAAATATTT TTGCTAGGGG CAACTAATGA AGTTGTAGAA GCGGCACAAT ATGCATTGCA	1740
40	ACAAAGATAT CCAAACATAT CGTTGCACA TCATCACGGT TATATTGATT TAGAAGATGA	1800
	GACAGTAGTG AAcGnAnTTA AACTGTTTAA ACCTGATTAC ATATTTGTAG GTATGGGATT	1860
	CCCTAAACAA GAAGAATGGA TTATGACACA TGAAAACCAA TTTGAATCTA CAGTGATGAT	1920
45	GGGCGTAGGT GGTTCCTTG AAGTATTTGC TGGGGCTAAA AAGAGAGCGC CTTATATCTT	1980
	TAGAAAATTA AACATTGAAT GGATATATAG AGCATTAAATA GATTGGAAAC GTATTGGTAG	2040
	ATTAAAGAGT ATTCCAATAT TTATGTATAA AATAGCCAAA GCaAAAAGAA AAATAAAAAA	2100
50	GGCGAAATAA TCATGATGAC AAAAATAAAA CCGAGGAAAT CCTTAAATGG AGATTCTCGG	2160
	TTTTTTCGGT TTATTTAATA ACGAAGCGGG ACTCATCGAG TTTGTTTCTA AATTCTTTTT	2220

55

	CATCAAGTTC ACCGTAATCT TTAACTTTC CGCCTTCAAT CCAAGCAATC TTAGTACAAA	2340
	ATTGTCTCAC TTGTCCTAAG TTATGACTAA CGAAAAAGAT GGTTTTGTTT TGCTCTTTAA	2400
5	ACTCGTAAAT TTTATCTAAA CATTTTTGTG CAAAAGTTG GTCACCTACA GATAAAGCTT	2460
	CGTCAATGAC TAAGATATCT GGATTAAC TGATATTAAT TGAAAAACCA AGTTTTGCAC	2520
	GCATACCACT TGAATACTTT TTAAGTGGTT GATAAATAAA CTCACCAAGT TCACTAAATT	2580
10	CAATAATCTT AGGTGTCATC GCTTTAATTT CTTTTGCTT AAAGCCCATATA CATAACATTT	2640
	TAAATTCGAT ATTTTCAATC CCTGTAAGTT GTCCACTCAA GCCAGCACTA ATTGCGATAA	2700
15	CGCTGACTTC ACCATTACGA TCCACTTTGC CAACAGTAGG CGACAAAGAA CCGCCAATGA	2760
	TATTGCTCAA CGTTGATTTG CCGGAACCAT TGATGCCAAC AAGCCCTATG ACGTCACCTT	2820
	CATATGCTTT TAACTAATG TCATCTAAAG CGAAAAATGT TTTGTTTTTA TGTTTGGGAA	2880
20	TGAGCGCATC TTTCATACGT TCTTTATTTG TACGATAAAT ACGATATTCT TTTGTTACAT	2940
	TTTTAATGTT TACCGAAACG TTCATTTGTA GACCTTCCTT ATTCACATTT ATCTAGATTA	3000
	TAATATACTA CTCAACAGTT GTTAAATTTT AAAACCTGTT GTAAAGTGTA TAGAAGATTT	3060
25	TGTTATTATC AGAGTGGTG TTTTGACACA AAATGTTAAT CATCAATGAT AACAATGATA	3120
	TTTAAAACT AAAGTATTTT CAACTTACAT GATTGTATAC TATAATGTAT TTGTAATAAA	3180
	CTAATATTTT AAAGAACTAG ACAATAATTT TGATAGCATC CATGTATAGT GATAGTATTT	3240
30	ACAACAATTA TTATAATACT ATTTAGTTAA GTAGAGAAAT AGTTAAACAT TTGAAAGTGT	3300
	GGTTTAATGG AATGTCAGCA ATAGGAACAG TTTTAAAGA ACATGTAAAG AACTTTTATT	3360
	TAATTCAAAG ACTGGCTCAG TTTCAAGTTA AAATTATCAA TCATAGTAAC TATTTAGGTG	3420
35	TGGCTTGGGA ATTAATTAAC CCTGTTATGC AAATTATGGT TTACTGGATG GTTTTGGAT	3480
	TAGGAATAAG AAGTAATGCA CCAATTCATG GTGTACCTTT TGTTTATTGG TTATTGGTTG	3540
40	GTATCAGTAT GTGGTTCTTC ATCAACCAAG GTATTTTAGA AGGTACTAAA GCAATTACAC	3600
	AAAAGTTTAA TCAAGTATCG AAAATGAAC TCCCGTTATC GATATACCGA CATATATTGT	3660

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 173:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 13868 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 173:

EP 0 786 519 A2

	ATTAATCACT TGTGTGTAG AGTCTTGTCC GTTTTGTTA TGATTGTAG CCATGATATA	120
	CCTCCCTTAC AACACTCGTG GACCAGAAGT TTTCTGATCT CTCACATTAA CTTCTAACTT	180
5	ACGTACTGGC ATTTCTGTGA AATATTCTAC ATTCTTTTTA ATATCCGAAC GAATTGCTTC	240
	AGTTAAAGAT TGAACCTGAA CATTATTTGG TACGAAAAAG TCAGTTTTAA TGTGATATA	300
	AGATTTATTT TTTTGTAT ATAGTTTCGC AACTACATTT GGTGTCTTA CTTGATCATA	360
10	TTTTCGAACC GTATCGAATG CCGTCTTTTC AACAGCTTTA CGAGATACGT AAACATGACC	420
	ATCATCGAAG TCTTTGTATA ATCCAGGTTT TCGATGCGTA GGTGGAAGA TACTAAATAC	480
15	TAATATAAGA CCTATTAATA TCAATAGTGC AGCAAGTGAA ATAAGTAATG GTTGAACCA	540
	TTCAAATTGA AGGAAGTAGT CTTGATATTC AGTTATACGT CCATCTTGGG TATACATGAA	600
	TAACAGGAAC CCCACGATTA CTACTATTAA TAAGCCAAGG ATAAAGTTTT TAAGTCGTTT	660
20	CACCCCTAAC GACACCTCCT TAGTTAAAGT TAATTTAAAA ACATATTAAA TATGTACCCA	720
	TCAGTTTTTT TCTTAAACAT AATAAATTAA TAACTTTAAA TTTATTTTTA ATATATAAGA	780
	TGAAGTACCA TTTAGTAATA TATTCCCTAG TTTTGTAAA TAAACCTCA TTATTAATTA	840
25	ATTTCGTCA ATATGTTTTG AAGAACGATA TTCTAAATA TCTGGGTCAC GATGTTTAAT	900
	TAAACCTTA TTACTATTTT TCGGTTTCTC CTCACTCAA GATTTTATAA GCGACCATAT	960
	CATCGCTATA ATGACCACGG AAAATGGTAA CGCAGCAATG ATTAATAAAT TTTGAATTGC	1020
30	TTGAGTACCA CCTGTGTAAA TCATGATGAT TGCAATAAT GCCATAATGA TACCCCACT	1080
	CACTTTGACA AATGACTTCG GATTAATATC ACCACTTGAA CTCAACATAC CTAAACATA	1140
	AGTTGCCGAA TCCGCTGATG TAACAAAGAA AATCATAATA ACAAGTAAAG TAATTAAGCT	1200
35	TAATACAAAA CCTAGCGGAT AATGTTGTAG CGTCGCAAAA GTTGCTGTTT CTGTCGCAGC	1260
	TTTAGCAATA TCGGCAATAT GATTATCTTG TAAGTAAATT GCTGACGCGC CGAATACCGC	1320
40	AAAGAATATA AAGCAAATA ACGCCGGGAC AAAAAGTACA CTTAGAATAA ATTCTTTAAT	1380
	CGTACGTCCT TTTGACACAC GTGCAATAAA TATACCTACA AATGGTGCCC AAGATATCCA	1440
	CCATGCCCAG TAAAGATTG TCCAATTTTG TAACCATTGG AATTTTTGAC CACCTGTCGG	1500
45	AATGCGTAAA CTCATACTAA AGAAATTTGC AATATAATTA CTTAGACCAT TCGTAAATGT	1560
	ATTTAAAATG TATAGCGTTG GCCCAACAAT AAAAAGACCA ATAAGTACTA CAAAAGCAAG	1620
	TAACATGTTG ATATTACTCA ACGTTTGTAT ACCTTTATCG ATACCTGACC ATGCTGACCA	1680
50	AGTAAATAAT ATGGTTGCAA TGACAATCAA GATTACTTGC ATCGTGAAGT TACTCGGTAC	1740
	ATTAAATAAA AAATGTAAAC CTTGTTTAT TTGCAATGCA CCGAAACCTA ATGTTGCAGC	1800
55		

EP 0 786 519 A2

	CATTGCCTTT TCACCTAATA AAGGCGTCAA TGTAGCGCTG ACTAAGCCAG GATATCCTTT	1920
	ATGAAAGCTA AAATATGCAA ACACTAGCGC GACAATACCA TAGACTGCCC ATGCATGAAT	1980
5	CCCCCAATGG AAAAATGAAA ACTGCATTGC ATCATTAAAT GCAGATTGCG TGCCAGCTTT	2040
	ATGAATAGGC GTTAATTTGA AGGCATGACT GATTGGTTCT GCCGTTGTCC AGAACACAAG	2100
	TCCTATTCCC ATACCAGCAC TAAATAACAT AGCAAACCAA GACGGCAATG AGAATTCAGG	2160
10	ATCTTCGCCT TCTTCACCTA ATGTAATGTT TGCCTATCTC GAAAATAAAA TATACACACA	2220
	GACAAATAAA ATAATAAAA CGAGCAATAA ATAATACCAA GAAAATGTA GCGCAATAAA	2280
	TGTAGTAATG TTTTGCCTGA GTTTTTCTAA CTGTTTCGGA AATATTGCTC CAAAAGCAAC	2340
15	AAATATCGTA CATATCACTA AAGATACCCA AAACACTAGA CTTACTGATT TATTTTTCAT	2400
	AAATACAAAC CCTTTCTGTG TAATGGTAAG TTCATACCCA TAACTGCAAC ATTTTAATCA	2460
20	TTTGTAATTT TATATAGACA CAATTAATAA TGCCTCATCT TTAAAAATG ATATATAAAA	2520
	CACACTCAAA TTATTTATCA TTGAGCAACA AAGTATTTTA TTGTATTTAA GTAATGCCTT	2580
	TCTAGTGCAT TATTGATTTG ATACCTGCAA AGTTGCCATA TTTCCGTTTA GAATCAATAG	2640
25	TCGCTAGACA CAAAAAATAA GTCGCCTATA CAGTATTTTC TGCATAAGGC GACTTTACTT	2700
	ACTAATCTAT ATATTAATTA CTAATTTTCC AATCATTGAT TGTTTTTCCA ACAATTGATG	2760
	TGCTTGATAT AAGTTTTTCAG GTGATAAACC TTCAAAAAC TGTGTCGTTG TTGGTTGGTA	2820
30	ATGCCCTGAT TCTATATTTT TCGTAATATC TTCTAAATAC TCATGTTGTT TAATCATATC	2880
	AGGCGTTCGA TGAATTGGAC GCGCAACAT AAATTCATGT GTAAATGTTA TACTTTTTAA	2940
	TTTTAATGCA TTTAAATCTT GATCTTCATT AAAAGCTACG ATAGTCGTAA TATGCCCTAA	3000
35	TGGTTTTATC AGTTCAATCA TAGTATTGTA ATACAAGTCT GTATTATAGG TGCAAAATAT	3060
	ATAATCTACT AATGGAATTT CTTTAAATTG ACGCACTAAA TCCTCTTTAT GATTCAATAC	3120
	GATATCTGCG CCCATCTTTT CACACCACTC TGTTGTTTCT TGTGCTGATG CTGTTGTAAT	3180
40	GACAGTTAAA CCATACCGTT TAGCAATTTG AGTGGCTATA CTGCCTACAC CACCGGCACC	3240
	ATTAATGATT AAGACAGACT TCCCTTCGTT TTCAGCAGGA TTCGTAGAAA TTTTAAATGT	3300
45	ATCAAAAAAC GTTTCATATG CCGTAATACC AGTTAGCGGT AGACTAACCG CTTCATTAGC	3360
	ACTTATGTTG TGTGGTGCTT TTGCAACTAT AGCTTCTGAC ACCAATTGAT ATGTCGCATT	3420
	TGATCCTTGT CTATTTGGCG ATCCAGCATA AAATACAACG TCACCCGGAC TAAATAATGT	3480
50	AACGTCTGGT CCGATAGCTT CAACAGTACC AATAGCATCA AACCCAAGTA CACGAGGTGC	3540
	TTGAGTGACT TCCATTTGTC GTTGCTTTGT ATCTACAGGA TTTACACTAA TGCTATTTAC	3600

55

EP 0 786 519 A2

	ATTTCTTCT TCCAATTTAA AGGGCTTCTC AAATCTATC ATTTTCATAT CGTTTCACCT	3720
	CATTTATGAA CTTATTTCTT ATTATACAAA ATAGAAGCCA TGTGTGCTTA TATCGCAGCA	3780
5	TCATGACTCC TTTTTCATTT GAATATATAA ATAATTACAG ACGACTTTCG TATTAAATTT	3840
	TAGACTTATT TCTACCATGT TGCTGAACAA ATTTACTTTA GATAAAAAAT TATTAAATTT	3900
	TGGTCAATTA ACAAAGTTAG TTTGTTAAAA CGTgATACTT TATTATTCCG TTACTTTAAT	3960
10	AACTTGTTTA CCAAAGTTAT CGCCAGTAAA TAAATTTTAA AATGCATGTG GCGCATTTTC	4020
	AAAACCATCT TCAATGGTTA CTTGTGACTG AATTTTACCT TCTGAACCC ATGTTGCAAG	4080
	CTGTTCACTA GCTTCTTTAA AAGCATTAGC GAATTCACCT ACCAAGAAGC CTCTCATCAT	4140
15	TACTTGCTTC TTAATAAGCG TACCTTGAAT ACGTGGTCCG ATATCGGCTT CAGGATGATT	4200
	ATATGACGAA ATTGCGCCAC ATACTGGTAC ACGTGCAAAA CGATTTAAAT GCTTAAATAC	4260
20	TTCATCGCCA ACTGTTCCAC CAACATTTTC AAAATAAACA TCAATACCAT CTGGTACTGC	4320
	TTGTGCTAAC GCTTCTGCAA AATCCTCTTT CTTATAATCA ATACCAGCGT CAAAGCCCAG	4380
	TGTCTCTGTT AAATAATTTA CTTTTTTGTC GCCACCCGCA ATACCTACTA CACGGCAACC	4440
25	TTTAATCTTA GCAATTTGAC CTACAACTGA ACCTACAGCA CCAGATGCAG CTGAAACCAC	4500
	AACAGTATCA CCGGCTTTAG GTTGTCCAAT ATCAAGCAGA CCATGATATG CTGTTTGTCC	4560
	TGGCATTCTT AAAACACTTA AATATAAATC AAGTGGTACA TCTGTCGTTG GAACTTTAGT	4620
30	AATTGATCC GCTTGGACAT GATTAATGAT TCGCCAAGGC AACATACCTA CAACGACATC	4680
	TCCTTTTTTA TAATCTGCGA GTGTCGAATC AATTACTTTT GCAACGACAT GGCTAACAAT	4740
	CGGTTTACCA ATTTCAAAAG GCTGTACATA CGAATCTGCC TTAGTCATAC GTCCTCTCAT	4800
35	ATATGGATCC ACTGAAATAT ACAGCGTTTG TACAAGTACA CCATCGCTCT CAAGTTTaGG	4860
	CGTGfCAATC TCTTCaATTT TGAATGTATC CTCTTGAGGC ATGCCKTCTG GTATTTTGT	4920
40	AAAAAGAATT TGTTTATTTT GCATCATTA TACCTTTCTT TTATTTGAAA CTTTTACTTA	4980
	TTTGTTACTT AAGCGTTAAG TTTGAATTGT GTCTTCGTGA TGTCTGTATG CAAATACATT	5040
	CTTAGTTGTT ATATTTTGAC TTAAGCACTG ATTCATTCTA GTAACCTCAA CCACATTATA	5100
45	TTTGCTATAA TCATAAATTT AAAATGTTAC GACTTAGACA TTTTATGGAA ACTCTCAAAC	5160
	AATAGATAAT TTTTGAAAAG CTCTAATATT ACAAGCTTTT TTGCCCCAGA AAAACTAGCA	5220
	GTTGCTTTAT TTTTCCATA AGAAGTCGAT TAACTCATT GCAACATTTT CATTCTCATG	5280
50	AAGCTGACTA TGTGTGTCAG GCTCACCTTC ATATTTAGAT TCTCGATAAC TTTTCGGACT	5340
	ATTTCCAGT AAATATTTTA ATGATTTCTGA AGAACTATTA GAACTCTGC CGTCTGAATG	5400

55

EP 0 786 519 A2

	ATCTTTTAGC ACGCGTAATT GCTGATAAGG TTGATTCATT CGACTTGGTT TACCATCTTT	5520
	ATCAACTGTA ATTTTCATTGA CATCTTCATT CATATTTAAA ACACCATTAA ATGTCCCTGC	5580
5	AATATTCAC TGTGTGTTTA ACTGTGGCAG TGACTTGTGCG TTACCATATG TCATCATATA	5640
	TTGTGCAAAT GTTAAGTTCC CCATTGAGTG ACCGACAAAG TTGAATTTAT CGAAATTGTA	5700
	TTCAGATTGT AACTTAGTCA GTACATTTTT AAACCACGCA GCATTCTTAT CCAAATAGCC	5760
10	TTGTCTGTTA TTTTCAAGTT CAATTTTCAC AATAGGATTC ACTGCATCTT TTCTTAGTTT	5820
	CCCTTTAAAT GTCAC TGCAC CATCCTTTGA AACGTAAGCA GTGATGATAT CTTTAGTTAC	5880
	CCCTCTTTTT TCTGCTTGCT TCACCATAAA CTTTTCAGAA TTGGCACTAC CACCAAATCC	5940
15	ATGTAAGAAC AATGTTGGAA TTGGCTTTTT AACAAATTGC TGTGTTGTA TTTTAAATGT	6000
	TTGTGCCTGT CGTTGACTAA ACACCACCAT AATAATAGAG CCTATAATAA TAGCGACCGC	6060
20	TAACAATGTC GTAATAATTA CAAAAATTTT CTTCACTT TTAACCTCCA TTCATGTCTT	6120
	TTATATAAGT ATAAAGGATG TGATTAAAA TGTCCTTTAG TTGATTTTGA ATACATCATT	6180
	AACTTTAAAG ATGACTTTGG AAAGTTGTCC GTTAACGTTT GTTAATTGAT TGCTTCTTTA	6240
25	GCTTTCAATG GTGTGTCACC CATTGATTAA TATATAAATA TGTATATGCA TGTTTAATTT	6300
	ATCTCTTTCT ATAAATAAAG ACCTACCAGC ACTCGACTGA TAGGCCTTTT AATATCTATA	6360
	ATTATTTAAT TTCTTTTGTT TCGGCTAACT CTTTGTACCA ATAAGCACTT TTCTTAGGAT	6420
30	AACGTTCTTG AGTCTCAAAA TCGACATAGA ATAAACCATA TCGTTTTTCA TAACCATTTG	6480
	ACCAAGAGAA CACATCCATT AATGACCAAA TAAAGTAACC TTAAACATTT GCACCATCTA	6540
	TAATAGCATC TGCAATAACG TTCAAATGTT GTCTTACATA ATCAATACGT GCATCATCAT	6600
35	GAACTGTTTT TTCAGATTCA ATAAATTCAT CTTTATATCC TAAACCATTT TCAGTGATAT	6660
	AAATCTTATG aTAGTTAGGA TAATCTTTAA CAACACGCAT GaTTTGATCA TATAAACCTT	6720
	GAGGATAGAT CATCCAGTCC CAGTCTGTGC GAGGTACGTC GACATCAAAT TCACGTTGTC	6780
40	CGACACCTTT AAGTTGGTAT TTAGAACCGC CTTTATCACC TGTCGCATTA TGCGTGATTT	6840
	CAGATTCTCC ATCGTAACCT CTCATCCAAT CACTCATGTA GTAATTGATA CCTAAGAAGT	6900
45	CGTTTAAATC TTTGGCTGCA TCTAAATGG CATAATCTTC ATCTGTAATG TTTAATTTAC	6960
	CGCCATTAAC AGATAAGATA TGTTGCACAC CTTCCATCGT TTCACGAGAA TACTTACCTA	7020
	AATATGTTGC ATCTAAGATG AATTTATTAT GGATGATATC TTCTAATTCT GCTGCACGAA	7080
50	CATCTTCAGG ATTTGATGGA TCGAACGGAT ATTTTGTGTTG CAATGCGTGT ACAACACCAA	7140
	TTTCTCCTTT GTATCCGCCA TCTTTAAATA ATTTTACTGC TCTAGCATGA GCCACCATCA	7200

55

EP 0 786 519 A2

	CTACTAAATA TTGACCATCA CCAATAGGTC CAATTTTCATT GAATGTAGTC CAATATTTTA	7320
	CTTCTGGGAA TTCCTTAAAA CAATATTCAG CATAATCTAC AAAGTAGTCA ATCGTTTTAC	7380
5	GATTTAGAAA ATCGCCATCT TTGTGTAAaCA CTTCTGGTGT ATCAAAATGA TGCAATGTTA	7440
	CAAATGGTTC AACATGACGT TTATGACACT CTGCAAATAA CTTATGGTAA TACTCAACAC	7500
	CTTTAGGGTT AACTTCGCCA TATCCATTG GGAAGATACG AGACCATGCA ATTGAAATTC	7560
10	GGATACCATT AACACCGAAT TTTTCACTTA ATTCTAAATC CACTGGATAT CTGTTATAAA	7620
	AATCACTCGC TGGTTCTGCA GTGTACCAAT AGTTTTCTTC TAAATACGTA TCCCATGCTA	7680
	CGCGACCTTT ACCATCCGTA TTTGTGCGAC CTTCTGCTTG ATATGCTGCT GTTGCTCCAC	7740
15	CAAAAATAAA ATCTTCAGGT AATGTTTTAG TCATATGAAA AACTCCTATT CTTAATTTTC	7800
	AAATTGTTGT TGAACGAAAT CAAGGGCTGC TTGGCCATCT CGTGTCAATT TGATATATTC	7860
20	AGCACCTTGA GTCTTCGCTA ATTTAATACC TAATCTATCT GTATCTTGCT TAATATCTTC	7920
	ATAGTTAGAC GCAACTTGTG GCGCTAAAAT GATTAATTGG TACTCTTTCA TAATGTCCAT	7980
	ATGTGCGCCA TATCCGCCAG CTGCCGCTTT CACTGGCACA TGATATTCTT CAGCTGCTTT	8040
25	ATTAAGTGCA TTGGCTAATA ATCCACTTGT ACCACCACCG GCACAAAGTA CTAAGACATT	8100
	TGTTTGTCTT GTGATATTTG AAGCTTTAGC TGCATCGTCT GATACACCAC TTGCCGCTAA	8160
	AATTGAATCA GCTTTTTTCG TATCAAAGTT TGCTGCAACT TTTCTTTTA AATCTGAATT	8220
30	ACTTTCTTTA CGTCCTTCTT CTTTCATCAAG AATTTCACTA TCATAAACTT TTAGGAATGG	8280
	GTAGTAAATA ATAATATCTA CAACAATCAA AGTAATAGCT AGTACGAATG ACCATAAACC	8340
	AAAACCTGTA CCCATGATAA TGCCCAATGG ACCTGGTGTT GTCCAAGGTA AATTCACACT	8400
35	AAAATATTC ATTCCTAACA CTTCAACGAA AAGTTTGAAG ATCCATACGT TAACAATTGG	8460
	TGCTAATACA AATGGAATAA AGAACACAGG ATTCAATACT AGTGGTGAC CAAATAAAAT	8520
40	TGGTTCGTTT ACACCAAAGA ATGTTGGTAC AACTGATGCA CGTCCAATCG CTTTGTTCG	8580
	TTTAGATTTT GTCATCCACA TAAACATGAA CGGGACGACC AATGTTGCAC CCGTACCTCC	8640
	AAATGTAACG ATAAACATTT GTGTACCTGA TGTAATAATT TTATCTGCGT GTTCTCCAGC	8700
45	TTGAAGCAAC TTGAAGTTCG CTTGATATT CGCATATGTA ATGGCTGCAA TTGCTGGCTC	8760
	TACAATTGAC GGACCATGAA TACCTACAAA CCAGAATAAT GCAAAGGCAC CAAAGATAAT	8820
	TGTGACACCA ATCCATCCAT CTGCTGCTGT AAATAATGGT TCGAATAATT TTAATAATACC	8880
50	TTCCGCTACA TTTGATTAA AGCTGTTGCG AATGACTAAA TCTAATGCAT AAAGAATGAT	8940
	GATTACCGCT GAAATGGAA TTAAGTCCTT AAATACTTGT GAAATATTCG GCGGTACTTC	9000

55

EP 0 786 519 A2

	AAATGCTGAT AAGAATGCTG TTAATAAACC TTTAGTTCCC ATAAATGCAC TTAAGAATCC	9120
	ACCATCTTTG GCTGGATCAG AAGCTAAGAA CAAGAATCCA CACATCGCTG CTAGCATTGT	9180
5	AGAAATAAAG TTAATTTGAT TTGTACTTTC TAGCTTACGG TTAATGAAT CTGTAAAGA	9240
	TTTCGCTGTC GTTCCTGCTA CTAAAAATGC TACAAGCCCC ATCGTATAGT TATATGGTTT	9300
	CATTAAATG GCTTCCATGC CTTTATCCCA TTTAAACCA AATATATTTG GCACATATGC	9360
10	AATTAATAGA AAGATACTTG AGAATAAGAT GACAGGCATT GCAGAAATAA ATCCATCACG	9420
	GATGGCTCTT AAATATATGT TACGTGATAA TTTCTCGAAA AATGGCTTCC CTTTTTCAAT	9480
	TTGTGCGATC AATTTTTGCA TCATTGTCAT CACCCTCTTT TATAAAATTC TAATAAATGC	9540
15	TTCAATTAAT CTTTCAGTAA AATTGTTGTC ATTAAATGAT CTTGACCATG CATCATCGTT	9600
	ACACTGTATG CAATATCATC ACCTTGCGCT TCTTTAGCCA ACAGGCTTGT TTGTGCTCTA	9660
20	TGCGCTTCCG CAATGCAATT GTTTCCTTCT TCAATCAGTG CATCTGCTTT TGCAAAATCT	9720
	CCAGCTTGAG CTGCTGTTAA TGCTTCTAAA AACTTAGAAC GTGCATCCCC TGCAAAATGCA	9780
	ACAATTTCAA AACCTAATAA TTGGACTTCT TCTCTATTCA TAGCATTAAAT CCCCTTTTAA	9840
25	ACTTATTTTC TTTGTTTCCA AGATGTCGCA GTATCTTTTA ATACTTTATT TAAGTCATCA	9900
	ATATTTTGA AACCAGTTGT ACGTAACCAT TCACGAGCAG CATCTTCACC TTGTTCAATG	9960
	TATACTTGAA CAGCACCAGA CCATGTAGCA CGGCCACAAA GTACCCCGTT GAATTTAGCA	10020
30	CCAGCTTCGT GAGCAAATTT TAAAGTTTCT TGGAATAATT CCGCAGAAAC ACCAGCACTT	10080
	AAGTAAATGT ATGGTAAATG AGTTGCTGCA TCTTGATCTT TAAAGTGTTG TGCCGCTTCC	10140
	TCTTTTGTAT AAACCACTTC ACCTTCAGCA AAGCCTTCTA CATATTTTCAT GTTTACTGGT	10200
35	ACTTCAACTT TCAATACATC AACGTTAAAG CGTGGTTCTG AGAATAATTT CATTGCTTCG	10260
	TTAACTTTTC TAGGCTTAAC TTTTGCGAAT TcAACAcTAC CGTTATcAGG AATGTTGTCA	10320
40	TCGTATGTTA ATACTTCTAA AAAGAATGGA ATATCTTCTG CAACACATTC TGAACCGATT	10380
	CTTTCAATGT ATGCTTTCTT TTGAATGTTA ATTTCTTCAG CATCATCAAC ATCATAGTAA	10440
	AGTAAGAATT TAACAGCATT TGCGCCTTGT TCTTTTAAAC GTTTTGAGA CCACTCTACT	10500
45	AAACAGTCAG GTAAACGACC TTTAGCGTTT ACGTCATATC CAGTTTTTTC ATAAGCAAGT	10560
	AATAATCCAC AATCTTTGTT ACGTGCATCT GAAGCTGGTA AACCATATTC AGGATCTAAT	10620
	AAAATTGAAG ATGCATATTG TGTTAATTCT TCCGCAACTA ATACTTTTAA TTGTTCAATT	10680
50	TGAGCTACAG TTGTTTCTTC AGTTTGATGT TTTGCCATCA TGCGTTTTAA AGCACCACGT	10740
	TGGTCAAATG CTAATGCAGA AATGATACCT TCGTTGTTAC TTAATTGTTT AATTGATGCG	10800
55		

EP 0 786 519 A2

	TCATCATAAT TATTTAAATT GACATAACCT GTTGTGCTT CTTGTGCATT CAGCATGCCT	10920
	AAAGTATTGG CTTTTTTTAG TAAATCGTGG TCGTTTTTCAT GATTAAGAAT TGCTGAAGTA	10980
5	ATTCCAGCAA CTGTAGAATC ACCTGAACCA ACCGGATTTA ATACACTTAT TGTCCGAATA	11040
	TTCACTCTAT AGAATGTATG ATTGTGCTTA GCGAATGCAC CTTGTGCACC TAAAGACACA	11100
	ATAATCCACT CAATCCCTTC GAATAAGGGT TGTGACACTG CCTGTTTCAA ACTTTCTAAA	11160
10	CTTTCATCAA GTGGCTGGTT AAGCAATTGA TATAGTTCAG AAATGTTTGG TTTAATGACT	11220
	GTAGGTTTGT ATGGATTTTC CAAAAGTGTG TGCAAAGTtG CACCCGAGCA ATCTAATATC	11280
	ACAGGCACAC CTTTGTTTTG GCATCGTTCA ATGATTTGTG CATAATAATC TTGATTTAAT	11340
15	CCTTTAGGTA AGCTACCTGA AATAGCAACT GCTTCAACTT TTTCTAATAA TTGTTCAAAA	11400
	TGTTTAATAA ATCCTGCAGC CTCCTGATTA TCAATCTCCG GTCCCTGCTC TAAAATTTCT	11460
	GTTTGTGCCC CTTTCATGTA AATTGCAATG CAGTTTCGTG TTTCAACCTT AATGTTATAA	11520
20	AATGCATGCT TGATGTCGGC ATGATCTAAT TTTTTCAGCA TAAATTGACC TAATTCACCG	11580
	CCAATAAAAC CACTCGCAAG GACTGGCTCA CCTACTTGCG CAAGTACTCT TGTTACATTT	11640
25	AAACCTTTAC CACCAGCTGT TTTACTTACT TCTTGAACAC GATTAACATC ATCTAATTTT	11700
	AATGCTGTTA ATGGGTATGA AATATCAACG GATGGATTTA ATGTAAAGT TAAAATCATA	11760
	TGTGTCGTCC CTTAATCGTG GTATTCGCCT CTGTCCCAT TTTCTAAGAA TTCATCAAAG	11820
30	AAATGTGGAT CAGCTTGATC TGCATTGCTT GTTCTAAAT GTTTAATTTT AGCGATTAAT	11880
	TTTTTGTTCT CTTCAATTGG TTTATATTCA GCATTAATAA ATGCATCGAT AATATCGCAC	11940
	ATTAATAACT CACCTATAAT ACGTCCACCG AAGCCAATAA CGTTCGCATT TAATTCTTCT	12000
35	TTAGCGTATA ACGCTGATGT CATATCACGT ACTAGTGTG AACGAACGCC AGGTACTTTA	12060
	TTTACAGCAT TGTTAATACC AACACCTGTT CCACAAATAC AAACACCTAA GTCTGCATTA	12120
	CCGCTAACAA CTTGTTTCGCC AACTTTTTTA CAAAAAATTG GATAATGTGT TCTTGTGAAA	12180
40	TCGTATGTTT CTACGTCAAT GACTTCATGT CCTTTTGATT TTAAAAATTC AGATACACGC	12240
	ATTTTGTAT CTGTAACAAT ATGGTCGCAT CCTAATGCAA TCTTCATAGT AATTTTTTCT	12300
45	CCTTAGCACA TTTTATTAAG CATATCTACG CGGATTGGT GTCTACCACC ATCGTATTTA	12360
	CCTTCAACAA AACCTTTAAT GACATTTTTC GCTAATGTGT CTCCAACAAT TTCAGATCCC	12420
	ATAGTGATCA TTCTTGAATT GTTATGGCCT CTAGTCATAT ATCCAGAGCG TTCATCTGAT	12480
50	ACTTCAGCAG CAATCATGCC TTTGATTTTT GTAGCAACCA TAAAGCTACC TGCACCAAAT	12540
	GCATCGATAA CAATACCTAA GTTACCTTCT TGACTTTGAA CATCTTTTGC TACAGCCAAA	12600

55

TCTAATAAGT ATGATTTGAT GACTTCTTTT AATCGTTTGC CAGCTTCATC TGAACCAATA 12720
 ATAATCGCCA TAATAAGACT CCTTTTTACT TTAATTTTGA AATACCTTTC TTAAAATGTG 12780
 5 ACATATTTAT TTGTAGGTTA TGAAAATCTT GAGAAAAGGC TTTCAATTG ATTACGTTTA 12840
 AATTATAAAC ATAAACAAAC AATAAATCAA CATAATATGT TTATAATATG TTTGTTTATG 12900
 ACGTATTTTC AAACAATAAG TGAACATTCA TATTGTGGTG TTGTTTAAAT TAGGTATTCTG 12960
 10 TCTGAAATTG TAGTAAACT TTGTCGAGGT TCCCGTTGac ATAAATTTGC ATAAAAAaA 13020
 GCCCATAAAT GAATGCAAAT TCACATTAC TTATGAGCAT ATAGATACAT ATTTTAACAA 13080
 TGCAGTTATA CTTTAAATTT AGTCGACTAC TTCAATATAT GTTTTAAATCG TTTCTACTTT 13140
 15 TTCTTCATCT TCATAGTCCA TGACCACTGC AGTCAATTG TTTAACTGAC AAAATGATGT 13200
 AAAATCTTCT TTGCCAACTT TCGTATGATC GATTAAACAAG TATTTTTCaA TTGAATTACT 13260
 20 TAGTGCCAGT TGTGCGTAT AGGCTTCATC TAATGTAGAT GTCATCACAG CACCTTTATT 13320
 TACTGCGTTA CTACTAAAGA ACATCTTGCT AAATCTTAGT TTTCCAACA TGGCGTTCGC 13380
 CATTTCACCT ACAAATGCTT CTGTAATATG GCGCATTTCa CCACCAATTA AATAGACACG 13440
 25 AAAATGTGCT GTTTGTTTTT CTAACAAaAT TTTATACACC GGCAAACAAT TCGTAATAAT 13500
 TGTGAGCGTA TGATGATTGA CTTCTTCTGC TAATAGTTCC ACTGTTGTTc CTGGTCCGAA 13560
 AAACAAAGTA TCCCATCTT CAATTAATGA TGCAGCTTTT TTAGCTATAA ATCGTTTTTC 13620
 30 TGCAATTTGA CGGGTATGTT TTTCTTTATG CGATATTTCT TTATACTGAA ATGTTGAATT 13680
 ACTGCGTGCA CCACCATGAA TCTTCGTTAA AATCCCTTTA TTTCCAATT CAATTAAATC 13740
 TCTTCGAAct GTCATATCAG ACACATTAA ACCTTCGACG ATTTCAATTCG TTCTTATCGT 13800
 35 GCCCTTTTTA TTCACTAGTT TAGCAATTTc GTCCAAACGT TCATGTTTAT TCAATGTAAA 13860
 ATTGCTTC 13868

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 174:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4549 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 174:

50 TTAAGTCAAC TTTGTCTATA CGGTTTGGAT CtTCTaCCCA ATGTCTTATA AAAGACAATC 60
 CCGCACCTGA AACATAACTC ATGAAATAAG AAAATGGTAT ACCATTAAAT TGATCATTTT 120

EP 0 786 519 A2

	AATCTTTACC CATAAGAAAC ATCAATTGAT AAAATGCGAT GTCTTTTCT ATCATTCTA	240
	TTAAAACGGT CATAATTGA TGTATGTTAT CCGTGGATAA CTTAACTGCT CCATTAACT	300
5	TCTCATCATG AATGAAGTCT CTTATTTCT CCAACTGCTG GTCCTCTAAT TTTTCAAGCA	360
	AATCATACCT ATCATAATAA TCGGTATAAA ATGTACTACG GTTAACATCA GCTAAATCTG	420
10	CAATTTGTTG CACAGTAATC TCTTCTAATT GGTGTTGATG TAAAAGTTCA ATAAATGCAT	480
	TTCTCATTGC AACTTGTGAT TTTCTAATAC GTCGATCTAT AGTCATTTAT ATCAAGTCCT	540
	CCCCAATGAT TATAAACGTT ATGTTTCATTA TCCCACAAAT CTCCAACATT GATGATTGGC	600
15	ACACAATGTT TACCTGTTTA ATATAGGTGA TACAAACAAA CAGAAAAAGG TGATAACAAT	660
	GAACCAACAT TTACTAGGAA ATCCAAAATT AACTGTAAT CATGTCAATG AAGTTAAAGC	720
	CGGTATTAAC CACATCGTTG TCGACAGTGT TCAATATGGA AATCAAGAAA TGATTATGGA	780
20	AAAAGATGTC ACTGTGGAAA TCGCGGATGG CGAAAAATTA TATATTAATA TTTTCAGACC	840
	AAATAAGAT GGCAAATTCC CTGTAGTTAT GTCTGCAGAT ACTTACGGTA AAGATAATAA	900
	GCCTAAAATC ACAAATATGG GTGCCCTTTG GCCAACATTA GGTACCATTG CGACATCTAG	960
25	TTTTACACCT GAAGAATCAC CAGACCCAGG ATTTTGGGTG CCAAATGATT ATGTTGTAGT	1020
	TAAAGTTGCA TTACGCGGTA GTGACAAATC CAAAGGCGTC TTATCTCCAT GGTCAAAAAG	1080
	AGAAGCGGAA GATTATTACG AATGATTGAA TGGGCAGCAA ATCAGTCATG GAGTAATGGA	1140
30	AATATCGGGA CAAATGGTGT TTCTTATCTT GCGGTGACTC AATGGTGGGT CGCATCATT	1200
	AATCCACCAC ATTTAAAAGC AATGATTCTT TGGGAAGGCT TAAATGATAT GTATAGAGAA	1260
35	GTAGCCTTTC ACGGAGGTAT MCCAGATACT GGCTTTTATC GTTCTGAGC TCAAGGTATT	1320
	TTTGCGAGAT GGACAGATAA TCCAAATATC GAAGATTGTA TTCAAGCACA ACAAGAACAT	1380
	CCTCTGTTTC ATGATTTTTG GAAACAGCGT CAAGTGCCAT TATCACAAT TAAAACACCT	1440
40	CTACTAACAT GTGCTAGTTG GTCTACACAA GGTTCGACA ACCGTGGCTC TTTTGAAGGA	1500
	TTTAAACAAG CTGCATCTGA AGAAAAATGG CTATATGTGC ATGGACGTAA AGAGTGGGAA	1560
	AGTTACTACG CTAGAGAAAA TCTCGAACGC CAAAAATCAT TCTTTGATT TTACCTTAAA	1620
45	GAAGAAAATA ACGATTGGAA AGATACGCCT CATGTCATTT ATGAAGTTAG AGATCAATTT	1680
	TATAAAGGCG AATTCAAATC AGCGTCACGT GTCCCTTTAC CTAACGCAGA ATATACACCA	1740
	TTGTATTTGA ATGCTGAAAA TCACACATTG AATCATGCAA AGATTAGTAG CGCGCATGTC	1800
50	GCACAATATG ACTCTGAAGA TAAACAACAA GATGTAAGTT TTAAATATAC GTTTGACAAA	1860
	GATACTGAGT TAGTTGGAAA CATGAACCTA AACTATGGG TAAGCACTAA AGACTCAGAT	1920
55		

EP 0 786 519 A2

	CCTGATTTTA ATCATATTGA AAATGGTCAA GTAGCTACTG GTTGGTTACG CGTATCACAT	2040
	CGTGAATTAG ATCAAGAAAA ATCCTCAATC GCGCAACCTT GGCATAAACA TGAAACAGAA	2100
5	TTAAAGTTGT CACAAGATGA GATTGTACCT GTTGAAATCG AATTGTTACC TTCAGGCACG	2160
	CTATTTAAAC AAGGCGAAAC ATTGGAAGTT GTTGTAAGG GTAGTGAAT TGTAATTGGT	2220
	AATAGTACTC CTGGCATGAA AACACGTTAT GAACATGAAG AAACCGTAAA TAAAGGCATG	2280
10	CACATGATTT ATACTGGTGG TAAATATGAT TCACAATTAA TCATTCCTAT CGTTAATTGA	2340
	TATGCAGCAA TTACGGTCGC TTTTGATTAA AAGTGACATA GTGATAGGAC TGTATAACAA	2400
	GAGAAAGCCA CACGCTTGA ATCTTAAACC AAGGTGTGGC CCTTTTTATT ATTGATGGCT	2460
15	ATTTAATTTT ATAACACTAT CGTATTTTCT TTTTCATGAA TCATTTCAAT AATGACATTA	2520
	TCTTCATTCA TTAGTGCTAC TTTAGGTGCA TGGTTTTTAA TTTCTTCTTC ATTCAACTGT	2580
	GCATAAGTCA TGATTATGAC TACATCGCCT ACTTCAACAA GTCTTGACGC TGCACCGTTT	2640
20	AAACAAATTT TACCACTACC TCTTTCACCA GCTATTACGT ATGTTTCAAA ACGTGCACCA	2700
	TTATTATTAT TCACGATGGC TACTTTTTCA TTTGGCAAGA TGTCTACCGC TTCCAATATA	2760
25	TCTGAATCAA TCGTAATGCT ACCTACATAA TTAAATTTG ACTCAGTCAC TCTTGCTCTA	2820
	TGAATTTTAG CATTTCATCAT TGTCTTATC ACTTTATTCA GCTCCAATTA TTATATTATC	2880
	TATTAAACGC GCTTTTGAAA ATTTAACAGC TAAcGAGATA AATATGCGTC CAGTTATTTT	2940
30	GTGTTGTTCT ACTAATGAG GATAACTATA AACAGCAACT TCTTCAATGC GTTCACTTAT	3000
	ATGTGATTCA AGATATTCAG TAACCCTGTC TATAATTACT TTACTTTGAC GTTCACCGTC	3060
	TTGATACAAC GCTTGTGCTA ATAGCAAAC TTTACTTAAA TGTACCGCTT CTTGTCGTTC	3120
35	TTGCTCCGTT AAATAAACAT TTCTGAACT TTTGCGCAA CCATCTGCTT CTCGAACGAT	3180
	ATCAATACCA ATAATTTCAA CGGCATGATT GAAGTCTTTT ACCmTTTGCT CGaCAATAGC	3240
	CAATTGCTGG GCATCTTTTT TACCAAAATA AGCATAATCC GGCATAACAA TATTAAATAG	3300
40	CTTATTAAC TACTGTTACCA CCCCATCAAA ATGCCCTGGr CCGtTCGCTC CTTCTAACAC	3360
	ATCAGCTAAT GGGCCTACTT TGACATCAAT ACCTAATTCA CCTGGATACA TATCTTCTAC	3420
	TGCAGGATGA AAAACAATGT CCGCTCCTAC TTCTGATACT AATTCTAAAT CTTTATCAAT	3480
45	TTGTCTCGGA TAAGCATCGA AATCTTCGTT TGGACCAAAT TGTAATGGAT TAACAAATAC	3540
	ACTCACAATT GTAATATCAT TTGTACTAAC TGATTGCGGT ACCATCGTTA AATGTCCATC	3600
50	ATGTAAGGCA CCCATTGTTG GGATAAAACC AATCGTTGTG CCTGAGCGTT TGGCTGCTTT	3660
	AACAATGTGT TGCATCTCTT TTACCGTAGT AATCAGCTTA GTCATTGTTA TTAACCTCAT	3720

55

EP 0 786 519 A2

5 GATCGTATTG TTTTAAACCA TCCACACCAA CACTAAAATC AGCAAATTGC TTCACAAATT 3840
 TCGCTTTATG TTCAACACCA TAATTTAACA TATCGTGATA AACCAATACT TGACCATCTG 3900
 TACCTTTTCC TGCACCAATA CCAATGACTG GAATTGTTAA GTGCTTGCTA ATTTCTTCTG 3960
 CTAAATCATT TGGAATTGCT TCAAGTACTA ACGCAACTGC ACCAGCTTGT TCTACATTTT 4020
 10 TCGCGTCTAA AATAAGTTGc TCCGCTGCTT CTTTCGTTGC ACCTTGTAAT TTATACCCCA 4080
 TAACGCCAAC ACTTTGAGGT GTTAATCCTA AATGTGCAAC AACAGGAATA CCAATTGCCG 4140
 TTGCTTTTTT AATAAATGGT GTAATATGCG CTCCTTCTGC TTTAATTGCA TTTGCATTCTG 4200
 TCTCCTGATA AAGCTTTAGA GCATGATTTA AGTCTTGTGT CATAGAGATG CCTACTGCAC 4260
 15 CAATCGGCAT ATCAACAACT ACAAATGTAT TTGGTGCGCC TCTTCTTACT GCACGACCGT 4320
 GATGAATCAT ATCTGCTAAC GTCACCTTGA CGGTACTTTC ATAACCTAAT ACAGTCATAC 4380
 20 CAAGTGAATC CCCAACAAGA ATCATATCAA TACCCGCTGC TTCCACTTGT TTAGCACTTG 4440
 GAAAATCATA AGCTGTTACC ATAGAAATTT TAGTTTGCTT TTGTTTCATA TCTATTAATT 4500
 GACTTACTGT TTTCAATGTT ATTCAACCTC TTTTTCAGT ATnATTAGA 4549

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 175:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 8339 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 175:

35 TTATCTTTTG TTGTTTCCTT AGACAAACGA CTAACCACAT TATAATGGAC TAATTTATTA 60
 ATTFTATTTA ATTCCATTAA GTTATCCGTA AACTAAGTG AAGATGCGGA GTTCACTCTC 120
 GTTTGTACTC TTCGTTTTAA TAAAGCACCT CGTAATAATA CAATCATTCT TCTTATTAAT 180
 40 GATGCTTGTC TATATACCTG TGTTCTTTCA GCATAACGCA TATAGTTTTT AAGTACACTA 240
 TTCGTTATTT GTCCTTCATC TACTAAAGAC TCTAATGTTT TkGTTTCTAC ATTAAAAGCA 300
 45 ATTTTTTGTA GACGTTCTAA TTCTTTAGAG TTTTCATCAT CTTTCTCTAC AGTTTTTAAA 360
 AATGCTAATT TATCATGATA TTCTTTAATC ACGTTACCAT ATTTAAAACT TGTTCGAAA 420
 GTAGATTTTT GATTTAGATA ATCAATAACT TGTTCTAATA TATAAATTCT AGCAACTTTA 480
 50 AACGACATAT TGCCAATTAC TGTTTTAGGT GCAGGTTTCG TTAATAATGG CAATAATACT 540
 TGCGCAACTA CCAAATAAT AATAACCATA CCAGATGCAA TAAATAATAA GTCGTTTCTA 600

55

EP 0 786 519 A2

	ATTGTTCCAT GCACACCACA TAACGTCATA ATTAAAGCGT ATAAACTTCG CTTTGGTGGT	720
	TTCTCAGTCG TTGGATTATC ATCATCATTT TTAGTCATCA TTTTGGGAA TGGACTGATG	780
5	GCTAAATAAA AATAAGGATA TAAGACATAA ACCCAAACAA ATCTAAATAG ATAGACAGCT	840
	AAAGCAACAA CAATAGTGAT GCCTATTAAA AAGATTAAAT TGTGCGGTC TGTTTTGATA	900
	ATTTTAATAA TAACCTCAGG TACTAAAAAT CCTAATATTG AAAAAACAAA GCCATTTAAA	960
10	ACATAACCTA GTATATTCCA TGTATGATTG TAACTCATTT GCAGTTGTGT ACGTACTTGC	1020
	ATAATTCTGT CAGGTTGAA ACCATGTACA AGTCCTGCAA CTACTGCTGC AATGATTCTT	1080
15	GATGCGTGaA ACAATTCAGC AATTAAATAC GTAACAAATG GTGTTAACAA TTGAATAATT	1140
	GTAAACATAT TAATGTTTTC ATATCCTCGA CGCATCAATG TTAATCGGAA CCTTACTAAT	1200
	GCCATACCTA TAAGTAAACC AACCCTGCG CCACCAATTG ATGCAATTAA AAACAACTGA	1260
20	ACAGCATCAA CAAGTGAAAA AGCACCTGTA ACTAATACTC CAACAGCTAT TTTAAATGAA	1320
	ATAATACCAG CAGCATCATT CAATAATGAC TCACCTTCAA GAATTGTCAT TGCTCCTTTT	1380
	GGCAAGACCT TTCCTTTAGT GATTGCTTGC ACTGCTACTG CATCAGTAGG ACAAAGAATG	1440
25	GCAGCAATTG CAAATGCTGC TCCAATAGGT AAATCTGGCC AAATCCAATG AATAAATAAA	1500
	CCTACACCTA TCACAGTAGT AATGACTAAT CCTAATGCCA TCATCATCAC TGGCTTAATA	1560
	TATTTCTTA AATGGACTCT AGAAACATTA ACACCTTCTA CAAATAACAA AGGCGCAATC	1620
30	ATTGTTACCA TAAACAATTC AGAATCAAAA TTAAATTGAA CAGGGATTGG GGTAAATAAT	1680
	AGTAACATGC CCAAGAAAAT TTGTATAAAT GCTAGGGGTA CTTTAGGTAT GAAAGTATGG	1740
	ACAAACGAAC TTAGTATCAC AACAGCTATA AATATAAGAA TTGTTTCAA TATTTCCAAA	1800
35	CTTTCACCTC TCTAAAAAGT ATTGTTTAAT TGAAAATTAA GTATCACATC TCGTTGTAAT	1860
	TATACTTTAG AGGATAAATT GAGTTAGCGA CCACAAAAGC ACTTTAATAT AGATATATGT	1920
	CTACGATTGC AGTACTTAAA TTTGCAATTA TTTAATTTTA TTTTATCACT AATTGTTTGT	1980
40	ATAAATAAAC AACTTGCTTT CACATAACAA CATTAACTTA TAATACAAA AATGAGCACC	2040
	TTAAATCGA CTAACCAATT TCaAAGTACT CTTTAAATGA TTAATTTTGA AAACAGATTT	2100
45	TCaAAAGCAT TGTTATGCTT AACAATTTAG CCAACACTTC AATCGTTTTG ATACCATTTT	2160
	TTACGATGCT CTTCTCGTTT TTCAGCACGT AATTGTAATG CTTCTGTAGA GTTTTGTTC	2220
	TTTGAACCTA ATAATATTGA TGCATGTGTG TGAGCATCAT TTTTTCGATA CATATAAGCG	2280
50	CCGTTGCGAT AAGCAGCGCG AGCGACTAAG TGCATGCCGA CTGGTGAAGT TAAATTAATA	2340
	AAAACAAGTG ACAGTAATAA ACGCACACTG AAAAATCCTG TATTCACAAT AAAATAAATT	2400

55

EP 0 786 519 A2

	CTTAAGAAAA CATCTTGGAA TTTCACGATA CCTATTGCAC TAATAAGAGC AATAAACTA	2520
	CCTAACAAACA ACATCACAGC AGCAATAAGA CTAAAGATTT CTTTGTAT TTCCATTAAA	2580
5	CACATGCCCC CCACCAATAA AGCGTGATAT TGAAACAGAA CTTACAAAAG ATATAATGGC	2640
	AATGAGCATG ATTGAATCTA AGAAAGAAAC GGTGCCCCATA AGTACACTTA ACACACCCAC	2700
	AATTGACATT ACGACAGCAC TTGTTGTATC AAATGTAACG ACACGATCTG CTGTTGTAGG	2760
10	TCCCTTGATT AATCTAAATA AACAGATGAT TAATGCAATT CCAAAAATAA TGAGTGAAC	2820
	AATAATCATA ATATGTGTTA TTGTTGTAT CATCGCGACA CCTCCAATAT TAAGTCTTCA	2880
	TAATGCTTAA TACTTCTTAA CAACTATCT TTTCTTTTT CTGACACGTC GATACTATGA	2940
15	ATAAAAACT TTTTAGAGTC TTGAGAAATT CGTATTACTG TAGACCCTGG AGTTATAATA	3000
	ATTAAATG TTAATAATGT TATTGACCAA TCACTTGTTA GTCTTGTTTC ATATGAAAGT	3060
20	AATCCAGGT TCATATCTTT TGTTTTAAAA AGAATATAAT TAATCGTGCT AATGCTAGAT	3120
	GTTATTAATT GATATAAATA AACACCTAAA AATTAAATAG CTACCCATAT TTTTCTAACA	3180
	TAAAAATCAT CGCTGAAAAA CCTGTGTAAT ATATAAATGA CAATTAAACC AATTAGATAT	3240
25	CCAGAAAAGA AAGTCGAGAA TTTAAATGA TCTTCATCTT GAAATAATAC CCATAAGAAT	3300
	GCAATGATAA TATTTAAAC TATTGATTC ATTTAGTCCT CTCCTTTCAA ATGCGGATTT	3360
	ACAAGTTTTT GATATAATG ATCACTCGTG TTCACTCAG TTGCATCACT TGTAACTTT	3420
30	AACACAACAG GTGCAGCAAT TCCGATTGCG ATAACCACAA CTACTAAAAT ACTTAAATTT	3480
	CTTTTTCGAT ATAGCGGGAT TTTCTTAAAA TTAACCTCCT CCCCATCTTT ATCTCCAAA	3540
	TACATATAAA AAAGTATCCT AAATAAATG TACATTGCAA TTAGACTAGT AATAATCATT	3600
35	AACGCTAGTC CAATATAATT GCCATTTTGC AATGCACCTT GGAAAATAAG TACTTTCCCC	3660
	GGAAAGCCAC TAAATGGAGG CACGCCGCCA ATAGCAAAA TCATTATAAT AAACGCAACT	3720
40	CCAAATAAAG GTTCTTTTTT AGCTAAGCCA TTCAAATATT GATATTGTCG ATAGCCTGTA	3780
	ATGTAACTA AACTACCAAT AATAAAAAAT AGCAATGTTT TTACAACAAT GTCATTTACC	3840
	AAATAAAATA TTGCACCATT AATACCTGCA AACGTGTTTG TTCCTAAACC TAAATGATA	3900
45	AATCCTATTG AGATTATGAC TTGGTAAGCT GCAATCTTTT TAATATCTTT ATAAGCAATG	3960
	ACACCTATAG CGCCGATGAC CATAGTTATA GCAGCCATAG TTGCTAGCAA TGGATGTATG	4020
	AGATCATTAT GTTGATCAAA TAGTAAAGTG AAGAATCGAA TTAATGCATA GGGCCCTACT	4080
50	TTGGTCAATTA ACGCTGCAAA TAATGCTGCA AGCTCAGTAT TTAACACAGC GTAGGCTTTG	4140
	GGTAGCCACA TAAAAAGGAC CAGCGCTGCT TTCGCACTAA ATGCGACTAA GAAGATTAAT	4200

55

	AAGTTTAATG TACCTACTGT TTTATAAAGT AAACCTATAC CTAATAAGAA TAGCCATGAA	4320
	CCAATAATAT TCAAGACAAC ATAAATAATT GCAGCACGTA ATTGTTCTAC AGATTGTCCA	4380
5	AGTGTAAATGA GTACAAATGA CGCTAGTAAC ATAATTTCAG ACATGACGTA TAAATTAAAT	4440
	AAATCTGATG TTAGAAAAGA GCCTATCAGC CCAACACTTA AAAATAATAT GAACGATGGC	4500
	AAGTGATAAC GATTTGCTTT ATGTTTCGCCA CGCCCAAATC CGTATGCCAT AATTAAAGTA	4560
10	ATCACAACG AAGCGGTTGT AACCATAATT AAACCTAAAG AATCTCCTAA AAACCTGTATA	4620
	CCAAAGGGCG CTGACCATCC TCCAAAGTCT AGCGTAATTG GACGGTGACG CTGAACATAA	4680
15	ATTAATAGCA TTAATGAAAT AATTGTGGTG ATAGTCATTG TACCTAAGTA TAAATATTTA	4740
	GAAATACGAT CATTATTTTT TAAAAATACA AGGATTAAGG CACAAAGGAA TGGTAATAAC	4800
	ATTGGTAAAA TCAATAAGTT ACTTAGCATC ATCTTCCCCC CTTAGGCCTT CAATTTTCATC	4860
20	TTCTTTTGTT ACTTTATAAG TTCTATAAAC AAGTACAAGT AAAAACGCAG TCATCCCAA	4920
	CCCTATAACT ATTGCAGTTA GTACAATAGC TTGTAACAAG GGATCAACAA ACAATTGGTT	4980
	TCCACCAGTT ATTAGTGGTT CTGATCTACT AGAACCATAC GTTCCCATAC TCATAATAAT	5040
25	GAGATTACCA GCATGAGTAT ATATTGAAAT TCCGATTACA ATACGAATTA AATTGATTGA	5100
	TAAATCATA TATGTTTCTA TAAACACTAA AAATCCTATA ACTAGTAATA ATATTAAAT	5160
	CATGATCGAC CTCCGCTAAG CGACAACATC ACTGTGACAA TAACACCAAC AACTGAGAAT	5220
30	AAAATACCTA ATTCAAAAAG TGTTATTGTA CTTACATGAA TTTGTCCTAA AATTGGAAGT	5280
	ATCCAAGTTG TTTCATATTG AGACAAAAAT GGTTTTCCAA AAAACATAGG TATTATCGCA	5340
	GTAATAGATG ATACCAATGC TCCAATAATC ATTAAAATTC TAAATCAAT CGGTAAACTT	5400
35	TCTAAACCT CTTCAACATT AAAAGCCAGA AACATTAAAA TAAACGCTGA ACTAAATATT	5460
	AAACACCAA TAAACCCACC ACCAGGATTA TTATGACCTG CGAAGAAGAC ATAGAATCCG	5520
	AAAGTCAATA AAATAAATAC AACAAAGTTT GTGACCGTTC TTAACACGAC ATCATTCTCT	5580
40	TTCATCTTGT CCCCTCCGAT CTTGATAATT TAATAATGtg TAAATACCTA GCCCAGTAAT	5640
	AATTAACACT AATCCTTCAA ATAATGTATC TAATGCTCTA AAGTCACCAA GTATCGCATT	5700
45	TACAATATTT TTACCACCTG TTAGTTTGTC AGCTTTTAAA TAAAAGTCTG ATATTGATGA	5760
	TAAACCATCT GTTTGTTGTG TAATAAAAAT TAATGATACA ACAATAAGTG CCATCAAGAG	5820
	TGATACAGAA ATTTTAATTA TTTCTTTTT TTTGTTAGCG TTAGATCTTG GCACGTTTGG	5880
50	TAATCTTGAA AAACGACAA TAAATAGTAT CGTCGTTATT GTTTCAACTA CTAGCTGAGT	5940
	CAATGCTAGA TCAGGGGCTT TCATTGCTAT AAAGAATAAG GTCACAACAA ATCCGATGAC	6000

55

EP 0 786 519 A2

	GACAGTTACG	ATTGCTAATA	TAATTTCTAA	TGCCCCAAAT	TCAGAAACAT	GTAAGTATG	6120
	TACTTTAGGA	AGTCCaATTC	GAATATAACC	ATATCCAATG	ATAATCATAA	ATATGCCTAA	6180
5	GGTCATAATA	ATGTACTGGT	TTAAACGATC	TTGCATAACA	CGTTTAAATC	GCTTCGTAGC	6240
	AAACTTTTCA	AAATGTCGAT	ATACCATCTC	ATAGCTTTTT	GAAACTGAAA	TCTGTCTAAT	6300
	TTTACCTGTG	AACACTTTTT	TCCAATCTAC	TTTGATTGCT	AGTACACTAC	CCAATAAAAT	6360
10	AATGATGATG	GTTAAAAGAA	GCGGTATGTT	AAATCCATGC	CATTGCGAAA	CATGTGGTGC	6420
	CAATTGATCA	ATTTGATGAT	TACCACCTGA	TACAGCTCTT	AATGcNAGAA	CGATAATCCC	6480
	CTTCCCAAAT	ATATnTGGA	CAAAAAAGAT	TACAGGTAAT	AGCACCATTa	aTATAAGAGA	6540
15	TGGTAAACTA	aACAACCATG	GTTCTGTGGT	ATTTTTTTTA	GTAAAAACCT	TAGAATCATA	6600
	TTTTGtCCAA	AATACTTCTT	TTACCATGTA	TAGTGCATAT	GTGAATGTAA	AAACACTCGC	6660
20	AATAACACCA	ACAAACACGA	TAGCTATCAT	TGAAATCAAA	CTAAATTGGG	ATAATTGTCC	6720
	AGTTTGTGTT	AATGCATCTA	AAAACATTTT	TTTACTTAAA	AATCCATTTA	AAAATGGTAC	6780
	TCCAGCCATA	GATAGAGCCG	CTATCGTCAT	GACTAGATTG	ATTTTAGGAA	ATAGTTGACG	6840
25	CATTCCACTT	AAAATTCGTA	TATCCCTTGA	ACCTGCTTCA	TGATCTAAAA	TACCTACTCC	6900
	CATGAAAAGC	GCACATTTAA	AGATGGCATG	ATTCAATTAGa	TGAAATAGcG	CACCArATAA	6960
	TACmAATACA	TAAATaGATG	CTATTGCGTC	TTGTTGGTGT	TGAGCATATC	CGCCACCTAT	7020
30	ACCCACCATA	GCCATAATCA	TCCCAAGTTG	ACTGATTGTA	GAGTACGCTA	GGATACCTTT	7080
	TAAATCCCAT	TGTTTTAAAG	CTGTAATTGA	ACCAAATAAC	ATTGTTATTA	AACCAACAAA	7140
	CGTAACGATA	TATACGTACA	TATTGCTAnG	ACCTAATAAT	GGTGTAATC	GAAGTAATAG	7200
35	AAngATACCA	GCTTTTACCA	TCGTGGCTGA	ATGTAAATAA	GCACTTACAG	GTGTAGGTGC	7260
	AGCCATTGCT	CTAGGTAGCC	AGTATGAAAT	GGArATTGTG	CTGATTTTGT	AAATGCACCT	7320
	AATAAAAAACA	TAAAAATCAT	AGGGATAAAC	AATCCATGAT	TCTTAATATG	ATCTGCTTGT	7380
40	CCTAATATCT	CTGTGATGTT	ATTCGTTTCT	GTCATGATAT	ACAGCATAAT	AAAACCAACT	7440
	AATAACGCCA	ATCCACCAAA	TACTGTAATC	ATAAATGATT	GAATCGCACC	AAATTGACTG	7500
45	TCACCATTGT	TATACCAATA	TGAnATCAAT	AAAAATGATG	ATmCACTCGT	TAATTCCCAA	7560
	AAaATGTACA	TcMATATCGT	ATTGTCTGAT	AATACaaTAC	CAATCATACT	GAACATAAAT	7620
	AACGTTAAAT	AAAAATAAAA	CCTTGGTAAA	TTGTCTTTTC	GAGAGGATAA	ATATTGAGTT	7680
50	GCATAGAAGA	ATACTGCAAT	TCCAATAAGT	GAAATAATAA	GAGAAAACAT	TAAACTTAAA	7740
	CCATCTAAAC	GTAAATCTAA	ATTAATATCT	AATGTCTTAA	TCCATGGAAT	AGAGGTAGAA	7800

55

GGTGCAACCA ACGCTATGTA CCCGGCATAT TTAGCCAATG CTCTACGTTT AGACATTAGA 7920
 AGTATCATCG CCATAATCAC AAGTATAGCA ATTAATAAAT AAACCAAACCT CATTATTAGC 7980
 5 CTCCTTTGTT TCTATAATTG TAATGAAATA TAAATACTAT GTTCACACTC ATTTTCTAAA 8040
 CCGATAAAAT TTAGTGTTTC AATAGCAGAT TGATGCCCTA AATACTTTTG AATGACTGGT 8100
 10 ATAAGTATAC CTTTTTGATA AGCATGATAT GCAAATGTCT TACGCAATGT CGTTAGTCCT 8160
 ACATTATCTA TACCAGCTTC AATTGATGCT TGGTGAATTA TTCGATATGC TTGCTGTCTA 8220
 GATAATACTT GATTTGTTTC TAGTGATTGA AAAAGAACGT CTTCAATCGA AAGACTCCTG 8280
 15 TCCTCTATAT ATTGAAGTAG TTCTTTTCGAT AATGTTTCTG GTAACCTAAT TTTAATCAA 8339

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 176:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 588 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 176:

CCCGATTTTT TTACGTAATC TAATACATAC GGCAAAATCA ACTTTAATCA AAAAAGACTC 60
 ATACACAATG CCTTTAAAGC ACATGTATGA GTCCTTTTTA GTAGTTTATA TCAAAAATA 120
 30 GTTTAATGTA TAAATTAGTT TTTGTTTACA GATGCGTCGT AGATTGATTC TACAGCATCA 180
 CCTAAAGCTT TATCGAATTC TTCTTTAGAT TGATCAGCTC TTAAATCACT AGCTAATGCA 240
 35 CGTGAGAAAC TTGCGATAAG TTCAGCGTTA TCTTTAAGTA ATTCATTTGC TTTTCTCTG 300
 CTGTAACCAC CTGATAATAC AACGACACGA ACAACATTAG GATGTTTCAGC TAACTCTTTG 360
 TATAGTTTGT GTTCAGTAGG AATTGTTAAT TTCAACATTA CTAATTGATC AGCATTTAAG 420
 40 CTATCTAAAC CTTTTTTAAG TTCAGCTTTT AATACTTTTT CAATTTTCAGC TTTGTCTTTT 480
 GCATTAATAT TAACTTCTGG TTCGATAAAT GGAACATAAC CTTTAGCAAT AATTTGTTTA 540
 GCAACTTCAA ATTGTTGTTC AACACGTCT TTGATACCTT GCTCATTT 588

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 177:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2841 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATAGAGTnCT GGrACTTACT ATGACATATG GCGCTAGAAT GGCTGAGCCA GGTGAATTTA	60
	CAAAACGTGC CTTTTTAAAT GGTGCTATTG ATTTATCTCA AGCTGAAGCA GTTATGGACT	120
5	TTATTCGCTC GAAGACAGAT AGAGCTTCTA AAGTTGCGAT GAATCAAAT GAAGGTCGTC	180
	TAAGTGACTT AATCAAAAA CAACGTCAAT CTATATTAGA GATACTCGCT CAAGTGGAAG	240
	TGAATATTGA TTATCCTGAA TACGATGATG TTGAAGATGC GACTACTGAA TTTCTTTTAG	300
10	AGCAGTCTAA AGAAATCAAA CAGGAAATTA ATCGTTTATT AGATACCGGT GCGCAGGGTA	360
	AAATTATGCG TGAAGGTTTA TCTACAGTTA TTGTTGGTAA ACCAAACGTA GGTAAATCAT	420
	CGATGTTAAA TAATTTAATA CAAGATAATA AAGCGATTGT AACTGAGGTA GCAGGTACTA	480
15	CTAGAGATGT CTTAGAAGAG TACGTCAATG TTCGTGGCGT GCCATTAAGA TTAGTTGATA	540
	CTGCTGGTAT ACGTGAGACA GAAGATATAG TAGAGAAGAT TGGTGTTGAA CGCTCTAGAA	600
	AGGCTCTTAG CCAAGCAGAC TTAATTTTAT TTGTATTAAA CAATAACGAA GCATTGACwC	660
20	AAGAAGATTA CACATTATAT GAAGTGGTTA AAAATGAAGA TGTAATCGTA ATTGTTAATA	720
	AAATGGATTT AGAGCAAAAC ATAGATATTA ATGAAGTTAA AGATATGATA GGTGATACGC	780
25	CATTAATTCA AACTTCAATG TTAACAAG AAGGTATTGA TGaATTAGAA ATACAAATTC	840
	gAGATTGT CTTTGGTGGA GAAGTACAAA ATCAAGATAT GACTTATGTT TCTAATTCAA	900
	GACATATTTT ATTATTAAAA CAAGCAAGAC AAACGATACA AGATGCGATT GATGCAGCAG	960
30	AATCTGGTGT GCCTATGGaT ATGGTACAAA TTGATTTAAC TAGAACTTGG GAAATATTAG	1020
	GAGAAATTAT TGGTGAGACT GCAAgTGATG AACTCATCGA TCAGTTATTC AGTCAATTCT	1080
	GCTTAGGTAA ATAGTAATTG AAATAGACGG AATACCGTCT TAAGAAGGCT AGTAAGATAT	1140
35	CAAATAAGGA GGTTTATATT GTGGTTCAAG AATATGATGT AATCGTTATA GGTGCGGGAC	1200
	ATGCAGGTGT AGAAGCAGGT TTAGCATCTG CAAGACGTGG TGCTAAAACA TTAATGCTAA	1260
	CAATAAATTT AGATAATATT GCATTATGTC CATGTAACCC ATCTGTAGGT GGACCAGCTA	1320
40	AAGGTATCGT TGTTCTGTA ATTGATGCTT TAGGTGGACA AATGGCAAAA ACAATCGATA	1380
	AAACACACAT TCAAATGAGA ATGTTAAATA CAGGTAAAGG ACCTGCTGTA AGAGCACTAA	1440
	GAGCGCAAgc AGaTAAAGTA CTTTATCAAC AAGAAATGAA ACGCGTGATT GAAGATGAAG	1500
45	AAAATTTGCA TATAATGCAA GGTATGGTAG ACGAACTTAT TATAGAAGAT AATGAAGTTA	1560
	AAGGTGTACG TACAAATATT GGTACAGAGT ATTTATCTAA AGCAGTAATT ATTACAACGG	1620
	GAACATTTTT ACGTGGTGAA ATCATTTTAG GTAATATGAA GTATTCAAGT GGACCAAATC	1680
50	ACCAATTACC ATCAATCACA TTATCAGACA ATTTAAGAGA ACTTGGTTTT GATATTGTTC	1740

55

EP 0 786 519 A2

	AAATACAACC AGGTGACGAT GTAGGTCGTG CATTGAGCTT TGAAACAACA GAATATATAT	1860
	TAGATCAATT GCCATGTTGG CTAACGTATA CTAATGCTGA AACACACAAA GTTATCGATG	1920
5	ATAATTTACA TCTATCTGCA ATGTATTCAG GGATGATTAA AGGAACCGGG CCACGTTATT	1980
	GCCCTTCAAT TGAAGATAAA TTTGTTTCGAT TTAATGATAA GCCGCGACAT CAACTTTTCT	2040
	TAGAGCCTGA AGGTCGTAAT ACAAATGAAG TATATGTGCA AGGATTGTCT ACAAGTCTTC	2100
10	CTGAACATGT GCACGTCAAA TGTTAGAGAC GATACCAGGT CTTGAAAAAG CAGATATGAT	2160
	GCGTGCCGGC TACGCAATTG AATATGATGC GATTGTGCCA ACGCAGTTAT GGCCTACACT	2220
	TGAAACGAAA ATGATTAAAA ACTTATATAC TGCAGGTCAA ATTAATGGTA CATCTGGTTA	2280
15	TGAAGAAGCA GCAGGACAAG GATTGATGGC AGGTATTAAC GCTGCAGGTA AAGTGTTAAA	2340
	CACAGGCGAA AAGATATTAA GTCGTTTCAA TGCATATATT GGTGTCTTAA TCGATGATCT	2400
	TGTAACATAA GGTACTAATG AACCTTATCG TTTACTAACA TCACGTGCAG AATATCGTTT	2460
20	GTTACTACGT CATGATAATG CTGATTTGAG ATTGACGGAT ATGGGATATG AACTTGGTAT	2520
	GATTTCTGAA GAAAGATATG CACGTTTTAA TGAAAAACGT CAGCAAATTG ATGCGGAAAT	2580
	TAAGCGTTTA TCAGATATTC GTATTAAACC AAACGAACAT ACGCAAGCGA TTATTGAACA	2640
25	ACATGGTGGT TCTCGCTTAA AAGATGGTAT TTTAGCTATC GATTTATTAC GCAGACCTGA	2700
	AATGACTTAC GATATAATTT TAGAACTTTT AGAAGAAGAA CATCAATTGA ATGCAGATGT	2760
30	TGAAGAACAA GTAGAAATAC AAACAAAATA TGAAGGTTAT ATCAATAAAT CACTACAACA	2820
	AGTTGAGAAA GTTAAGCGTA T	2841

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 178:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 3025 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 178:

	ATCTAATTTT AAACCCGGTG ATAAATTGCC AAGCGTGACG CAATTAAAAG AACGTTATCA	60
45	AGTAAGTAAG AGTACTATCA TTAAAGCATT AGGCTTATTG GAACAAGATG GTTTGATCTA	120
	TCAAGCACAA GGCAGTGGTA TTTATGTGAG AAATATTGCT GATGCCAATC GTATCAACGT	180
	CTTTAAGACT AATGGTTTCT CTAAAAGTTT AGGTGAACAC CGAATGACAA GTAAGGTACT	240
50	TGTTTTTAAG GAGATTGCAA CGCCACCTAA ATCTGTACAA GATGAGCTCC AATTAAATGC	300

55

EP 0 786 519 A2

	CGAATATTCT TATTATCATA AAGAAATCGT GAAATATTTA AATGATGATA TTGCTAAGGG	420
	CTCTATCTTC GACTATTTAG AATCAAACAT GAAACTTCGT ATTGGTTTTT CAGATATTTT	480
5	CTTTAATGTA GATCAACTCA CTTCAAGTGA AGCTTCATTA CTACAATTGT CTACAGGTGA	540
	ACCATGTTTA CGTTACCACC AGACTTTTTA TACAATGACT GGCAAACCCT TTGATTTCATC	600
	TGACATCGTA TTTCAATTATC GTCATGCACA GTTTTATATT CCTAGTAAAA AGTAATAAAT	660
10	ACATAAAAAC GTCTATATCC CAGTTATAAA CTGGAGTATA GACGTTTTTT TACGATAATA	720
	ACAATGGCTC AAATTGCTAT TATCTTGCTT AGGTTTTTCG TTTTAGAAGA ATATTGCTAC	780
	AAAGACAGGC ACAACTGCTA CAACAACTAC ACCAACTAAC ACTAAAGCTA TACTTGCCAT	840
15	TGATTCTTCT ACAGGTCCTA ATTCTTTGGC TGGTGCTACA CCTAATGTGT GACCACTTGT	900
	TCCAAGTGCT AATCCTCGGG CAATAGGGTT AGTAATTCGG AAAAGCTTTA AGAATTTATT	960
20	ACCTAGGGCA TAAATAATGA CACCATTTAA AATAACTGCT AATGATGTTA ATTCTTTTAT	1020
	ACCACCGATA CCAGCTGATA CTGGTAACGC AATCGCTGTA GTTGCTGCTT GAGGTAACAT	1080
	TGATAAAATA ACATCATTTGG CAAATTGTGC TAACTTCGCA AAAGTTAAAA TAATTAATAA	1140
25	CGCTACAAC GTACCGATAC CAATACCTCC GATGATACGA TGCCAATGTT TAACAAGCAC	1200
	TTCAAGCTTT TTATATAACG GAATCGCAA ACAGATTGTT GCCGGTTCTA AGAAGAAGTA	1260
	AATAATGTCT CCACCTATTT TGTAAGTCTT ATACGGAATG CCTGTAAAT AGAGGAAGGC	1320
30	CACACCAAAT ACCATACTGA CAAATAGCGG TGCGAATAAG AAGAAACGAT TAGTTTTTTC	1380
	AAATAATATG GTCGCTAAGA AAAATGGTAT AACGGATAAC AGTATTCCGA AGTAAGGTGT	1440
	GTTTAgTGCT AAGTGGTTAA TCaTGAGCTT GTGCCTCCTC TATTTTGATC TTTTTGTGA	1500
35	CTTTGTCACC TTTAGATCTC GAAGTAACTT TCATAATAAT TTgTGTGACA TAGCCAGTAC	1560
	AAATAgGTAA TAGTATTGTT GAGACGATTA TTAGTCCAAT GATTAAAAAT GGTGCTTGGC	1620
	TAATGACACC TAAAGAGTTA ACAACTGAGA TACCGGCTGG TACGAAGAGT AAGCCAATGT	1680
40	TATTTGTTAG TGTCGTTCTT ACTTTTTCGA CTTCGCCTAA CTTAACAGCA CCAGTACATA	1740
	ATAATACAAA TAATAATACT AAACCGATTA CTGATGCAGG CATAGGAATT GGCATAAATG	1800
	ATTCAATTAT TTTCGATACA AAGAGTACTA AAGCAATTAC AATGACTTGG TGAAAAAGT	1860
45	GTGCTGGTTT TGATGCGTCT TTTTGTGTGTT TCACGACCAT TGCTCCTAC GTTTGATTTA	1920
	ACTAAAGTAT AGATGGCTCA CTTCGATTG CGTGATTTTT AGTCCGAAAT ACAAATATC	1980
50	ATAGGTAAAA TGCATAAAAA AAAGGATTAC TGTAAAGTA ATCCTATCGA CGCTTTAAAA	2040
	TCTTTCATAA ATGAACGTCC AACTTGCATC TTGACACCAT TTGTCAATAT TACCATATAA	2100

55

EP 0 786 519 A2

	TGAATACGTA TAAAATAAGT GGGATTCAAT CGTTTTTCAT AACGATTCAA TGGCTCTGTT	2220
	GTTCGTATT TATGATTTCG TGTATGTATG GTTGAATAC CATTATGTGT GCCAATCCCA	2280
5	ATAATATTTT GTTGCTTTAA CATGTGAATT TTATCGTCAA TTTCAACAGG TAAGCTTTGA	2340
	TCAAAATTCG CCGACATATC ATTGCAATT GCACTTGCGT TATTATCATC TTTGGCTTTA	2400
	GTCGCACGCA CTTTATTGAC TGCTTGTTCA ATACGTTTTT GACCACACGG TTTCAAATA	2460
10	TAGTCTGTCG CATTTAATTC AAATGCCTGT ACTGCGTATT GGTATGTGC AGTTGCAAAA	2520
	ATAATCGCAG GTGGCTCTTT CATCTTTTGA ATCTTAGCTC CTAATTCGAT CCCATTTTCA	2580
	TCCATTAAAT TGACATCTAA AAATATAATG TCATATTGAT TGATCAGTAG TGCTTCCAAT	2640
15	GTTCCTTTTA CATTCTCTGC CTCATTAATT TCTTCAAAAC CACCAATTTT ATTTAATAAA	2700
	TATGTTAATT CATTACGTGC TAATGGCTCA TCATCTATGA TTAATGCTTT CATATTTATT	2760
	CCTCCTCTTG TCTTTCATAA GGAAGTACAC ACCAAAAAGT GGTACCGCTC GATGTCGATT	2820
20	CAAATTGTAA TGCTGCGGAT TTTCCAAATA ATCCTTTTAG GCGTAAGTTT AAATTTTCTA	2880
	AAGCACTACC AGTTCAGAC TCTGATTCTA CAGATGTC TCCCAACAAA TGCATTTTAT	2940
25	CTTTAGAAAT ACCCTGACCA TTATCTTGTA CAATAATACG TACATGTGTT GCAGTTTCTT	3000
	TAATCACTGA CACGTCAATA TCGTT	3025

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 179:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1689 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 179:

	ACAGAAATTC ACAGCATTTT TAGATGAAAA AATAAGCCAG TCATAGCGTT GATTTAACAA	60
40	ATGAATATCA AAATTTAGTG GCTTTATATC AATAAAGGGT TTGTGAATAA TTGATACTAA	120
	ATCACTTTGC ATGTCATTTG TTTGTGTCAT AACTACAAC TGGCTTCATAT TTAAACGTCA	180
	CTCCATTATT TAATGTTGTT CATTTAAGCG TTTTATAATT TCATAAGCAC CTTGCTCTTT	240
45	TAATTTGTGA CTCACTGTTT TGCCTAACTC AACCGGATCT GTTCCGTTCA TTGTATATTC	300
	AAATCGTTCT TTACCATCTG GGGTCATAAT TAAACCTGTA AATTCGATT CGTTTTGATC	360
50	TGAGATTGTA GCATATCCTG CAATTGGCAC CTGACAACTA CCATCCATT CTGCTAAAAA	420
	CGTTCGTTCA GCAGTCACAC ATTTTGCAAC CTCATCATT TGTACTTTGC TTAATAATGT	480

55

	TAACAATGTA TCTCTATCAA GATAAGATGT TnCAATATCA TCTGACCAGC CCATTCTTCT	600
	TAAACCAGCT GCAGCTAAAA TAATCGCATC ATAATCTTCA GTTTGTAAC TTTCTAATCG	660
5	TGTATCTATA TTACCTCTAA TCCATTTAAT CTCTAAATTA GGATACTTAG ATAATATTG	720
	TGCACCACGA CGTAATGAAC TAGTACCAAT AATACTGCCT TCTGGCAATT GGGATAGTGG	780
	TGTATGTGTT TTAGAAATAT ACGCATCAAA AGGTAATTCT CTATCAGGGA TACAACCTAA	840
10	TGTTAAACCT TCCGGAATTA CACTTGGTAC GTCTTTAAGC GAGTGTATTG CCATATCGAT	900
	ATTTTTTTCA AAAAGTTCAT GTTGATTTC TTTAACAAAT AAGCCTTTGC CTCCGACTTT	960
	AGACAATTGT TTATCTACTA TACGATCGCC TTTCGTGACA ATTTCTTTAA TTTCAATTTC	1020
15	TAGATTTGGC TCGACAGCTT TTAATTTATC AATAAATTGC TGGCTTTGTG TTAAAGCTAA	1080
	TTTACyTCTT CTGGAGCCAA CGACTrATTT ACGCATGTTC AATTCCTCCT AGGAACGGAT	1140
20	TGCTCTAGAT TATTTTCTCA ATTCACAAAA TGTGTTGCAA AAAATAAATT AATCATATTT	1200
	AAGCAAAATA AAATAATGTT ATAGTATATT AAATATCTTG AATTCAACCA TTTGTTGATT	1260
	CTAAGTAAAA TATAACTTCC ATATAATACT GTAATAATTG AAGAGAGTAT TACCTTCGGG	1320
25	TCAATGAATA TACGTTCAAC AACTGAAATT ACACCCCACT GTGTACCTAA AATAATACTA	1380
	AATATGAGAA TTATCCACCC ACTTAACGTT GAGTAAAACA CAATTGATTG AAGGTAGCA	1440
	ACGCTACCAA TTCTAAAGTA TTTTGTATCA AAACGTTTTT CCTTCAAATT ACGGTATTGC	1500
30	ATGATATACA GTAATGCATT GACAAAAGCT AAGGCAAAGA AGACATAACT TAACACAGCT	1560
	AGACCGATAT GGAATAACAG TAACCTCGTCT ACAACAGCAA TTTTCTGAAC CTTATTAGTA	1620
	TAATGTGTGCG GTTGAAATGT ATTCATCCCT AAnAGTGTTA ACCCTATTAA ATTCCAAGGA	1680
35	AAAACACAG	1689

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 180:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1209 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 180:

	nTGGnTGGCT TTTCTATTG GACCAAATGG ACCnTTTACC TGGCCnTTCC CAGGACACCC	60
50	CGCTTGCGCC CACATTCCAA TCGGAAAAGG TGTATGTGGT ACAGCCGTTT CAGAACGTCG	120
	TACACAAATT GTAGCTGATG TTCATCAATT CGAAGGACAT ATCGCTGTG ATGCTAATAG	180

CGATGCCCTT ATAACGGATC GATTTGATGA CAATGACAAa GAaCATCTTG AaGCAATTGT 300
TAAAATTATT GAAAaGCAAC TCGCATAAAA GGACATCAGC ATTTTCAATA AAGTGTGAC 360
5 AGTTAGCAGG AAAATGTTAC AATAATCTTT GTGTGAATTA ACGAAAGTAG CAGTTGTATA 420
TTATTGAGCG CTATGTTGTT CCCAATGCGG ACGTGTACG TAACTGTGCG TATAAGGTGA 480
AGACACATAA AACAAATATAT CTTAGTAAGC ATGCAACACT CTTTTTTGTT TATTCATAAC 540
10 AACAAAAAAG AATTAAAGGA GGAGTCTTAT TATGGCTCGA TTCAGAGGTT CAAACTGGAA 600
AAAATCTCGT CGTTTAGGTA TCTCTTTAAG CGGTACTGGT AAAGAATTAG AAAACGTCC 660
TTACGCACCA GGACAACATG GTCCAAACCA ACGTAAAAAA TTATCAGAAT ATGGTTTACA 720
15 ATTACGTGAA AAACAAAAAT TACGTTACTT ATATGGAATG ACTGAAAGAC AATTCGTAA 780
CACATTGAC ATCGCTGGTA AAAAATTCGG TGACACGGT GAAAACCTCA TGATCTTATT 840
AGCAAGTCGT TTAGACGCTG TTGTTTATTC ATTAGGTTTA GCTCGTACTC GTCGTCAAGC 900
20 ACGTCAATTA GTTAACCAGC GTCATATCTT AGTAGATGGT AAACGTGTTG ATATTCCATC 960
TTATTCTGTT AAACCTGGTC AAACAATTTT AGTTCGTGAA AAATCTCAAA AATTAAACAT 1020
25 CATCGTTGAA TCAGTTGAAA TCAACAATTT CGTACCTGAG TACTTAACT TTGATGCTGA 1080
CAGCTTAACT GGTACTTTTCG TACGTTTACC AGAACGTAGC GAATTACCTG CTGAAATTAA 1140
CGAACATTA ATCCGTTGAG TACTACTCAA GATAATACGG TCAATACCAA CACCCACAAT 1200
30 TGTGGGTGT 1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 181:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35 (A) LENGTH: 698 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 181:

AAATCCCTTt GTtaAAgTsc AAAtTTTTTcc AACrgCTTTA AtArGACCCA TATTACctTC 60
TTGGATTAAA tCmAGGaaTG AcATACCACG ACCaCGTATC TTTTAGCAAT ACTTACAAC 120
45 AAACGTAAGT TCGCTTCTGC AAGTCTTGAT TTTGCTACTT CATCACCTTG TTCAATACGT 180
TTGGCTAATT CGATTCTTTC TTGTGCACTT AATAAGTTAA CACGCCCAAT TTCTTTAAGG 240
TACATACGAA CTGGGTCATT TATTTTAACA CCTGGAGGGG CACTAAGATC ACTTGGATT 300
50 AGTTTCTCGT CAGTATCTGA ACTATCTTTT TCATTAACTA GTGAAATATC ATTATCATTT 360

55

5 GCAATTTCTT CATGACTTAA ATGACCCTCT TTTTACCTT TTTCAATTAA TTGCTTCTTA 480
 ACATCTTCTA ATGTTAATGT CGGATCAATT GTTTGTTTTT TAATTTTAAC TGTGTTATCA 540
 10 GACATGAAAC GGCCTCCCGA TTTTAAATAT GAACATTCGA AATTTATTCA ATATTGCTAT 600
 TTTAAACGAA ATTCTTAATT AATTCCATCC ATATTTTAA TTTTATTTTA CAAATTGGGA 660
 ACTAAATCCC CAATATTAT TTTTCAATAG TGGTGGTT 698
 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 182:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5147 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 182:
 ACTTGATGAT GTATACAATG TATTCAAGA ATATTATCAA AAAACATCTA ACATTAAGTT 60
 TTGTAGAATT CACAATTCTA GCTATTATCA CTTCTCAAAA TAAAAACATC GTTCTTCTTA 120
 25 AAGATTTAAT TGAAACAATC CACCATAAAT ACCCTCAAAC TGTTAGAGCT CTCAATAATT 180
 TAAAAAGCA AGGCTATCTA ATAAAAGAAC GCTCAACTGA AGATGAAAGA AAAATTTTAA 240
 TTCATATGGA TGACGCGCAG CAAGACCATG CTGAACAATT ATTAGCTCAA GTGAATCAAT 300
 30 TATTAGCAGA TAAAGATCAT TTACATCTTG TTTTGAATA ATATCTCTAT TACGCAAGTG 360
 TGCTGTATTC TAAAGTGCAC TTGTGTTTTT TATTTTTTAA TAAACCTCA GCACATAATG 420
 AACAACTTTC TATTTTCTAT ATCACTTAAA ACCATTTCCG AAATTAAACC TCAGCACATT 480
 35 CAAAGCCCCA CTTTATTCTT AAAAATATTT TTAACTCAT ATGTATTAAA CCGCTTTCAT 540
 TATAAAAAAT ATCTCTATAT TtTATCTGtT TtTATTAATC GAAATAGCGT GATTTTGCGG 600
 TTTTAAGCCT TTTACTTCCT GAATAAATCT TTCAGCAAAA TATTTATTTT ATAAGTTGTA 660
 40 AAACCTACCT TTAAATTTAA TTATAAATAT AGATTTTAGT ATTGCAATAC ATAATTCGTT 720
 ATATTATGAT GACTTTACAA ATACATACAG GGGGTATTAA TktGAAAAAG AAAACATtT 780
 ATTCAATTCTG TAAACTAGGT GTAGGTATtG CATCTGTAAC TTTAGGTACA TTTACTTATAT 840
 45 CTGGTGCGGT AACACCTGCT GCAAAtgctG CGCAACACGA TGAAGCTCAA CAAAATGCTT 900
 TTTATCAAGT CTAAATATG CCTAACTTAA ATGCTGATCA ACGCAATGGT TTTATCCAAA 960
 50 GCCTTAAAGA TGATCCAAGC CAAAGTGCTA ACGTTTTAGG TGAAGCTCAA AAACCTTAATG 1020
 ACTCTCAAGC TCCAAAAGCT GATGCGCAAC AAAATAACTT CAACAAAGAT CAACAAAGCG 1080

55

EP 0 786 519 A2

	AAAGTCTTAA AGACGACCCA AGCCAAAGCA CTAACGTTTT AGGTGAAGCT AAAAAATTAA	1200
	ACGAATCTCA AGCACCAGAA GCTGATAACA ATTTCAACAA AGAACAACAA AATGCTTTCT	1260
5	ATGAAATCTT GAATATGCCT AACTTAAACG AAGAACAACG CAATGGTTTC ATCCAAAGCT	1320
	TAAAAGATGA CCCAAGCCAA AGTGCTAACC TATTGTCAGA AGCTAAAAAG TTAAATGAAT	1380
	CTCAAGCACC GAAAGCGGAT AACAAATTCA ACAAAGAACA ACAAATGCT TTCTATGAAA	1440
10	TCTTACATTT ACCTAACTTA AACGAAGAAC AACGCAATGG TTTTCATCAA AGCCTAAAAG	1500
	ATGACCCAAG CCAAGCGCT AACCTTTTAG CAGAAGCTAA AAAGCTAAAT GATGCTCAAG	1560
	CACCAAAAGC TGACAACAAA TTCAACAAAG AACACAACAAA TGCTTTCTAT GAAATTTTAC	1620
15	ATTTACCTAA CTAACTGAA GAACAACGTA ACGGCTTCAT CCAAAGCCTT AAAGACGATC	1680
	CTTCAGTGAG CAAAGAAATT TTAGCAGAAG CTA AAAAGCT AAACGATGCT CAAGCACCAA	1740
20	AAGAGGAAGA CAATAACAAG CCTGGCAAAG AAGACAATAA CAAGCCTGGC AAAGAAGACA	1800
	ACAACAAGCC TGGTAAAGAA GACAACAACA AGCCTGGTAA AGAAGACAAC AACAGCCTG	1860
	GCAAAGAAGA CGGCAACAAG CCTGGTAAAG AAGACAACAA AAAACCTGGT AAAGAAGATG	1920
25	GCAACAAGCC TGGTAAAGAA GACAACAAA AACCTGGTAA AGAAGACGGC AACAGCCTG	1980
	GCAAAGAAGA TGGCAACAAA CCTGGTAAAG AAGATGGTAA CGGAGTACAT GTCGTTAAAC	2040
	CTGGTGATAC AGTAAATGAC ATTGCAAAAAG CAAACGGCAC TACTGCTGAC AAAATTGCTG	2100
30	CAGATAACAA ATTAGCTGAT AAAAACATGA TCAAACCTGG TCAAGAACTT GTTGTGATA	2160
	AGAAGCAACC AGCAAACCAT GCAGATGCTA ACAAAGCTCA AGCATTACCA GAAACTGGTG	2220
	AAGAAAATCC ATTCATCGGT ACAACTGTAT TTGGTGGATT ATCATTAGCC TTAGGTGCAG	2280
35	CGTTATTAGC TGGACGTCGT CGCGAACTAT AAAACAAAC AATACACAAC GATAGATATC	2340
	ATTTTATCCA AACCAATTTT AACTTATATA CGTTGATTAA CACATTCTTA TTTGAAATGA	2400
	TAAGAATCAT CTAAATGCAC GAGCAACATC TTTTGTGCT CAGTGCATTT TTTATTTTAC	2460
40	TTACTTTTCT AAACAACCTC TGAAACGCCT CAACACTTTC TACTCTGATT ACATATATGA	2520
	CATTTTTAGG CATTAAAAA TCGAACTAGA CAAGATGCTC ATTGCATTTT GTACTAGTTC	2580
	GATTCATGAA TAATTAGATT TAAAATGTCA TTTGAATCCA AGTGACAACA TTATTTATAT	2640
45	TTAGAATATT AACGTTAGTA TAAACGTCCA AACACAAATA AAAGCAACAA ATATAATACT	2700
	GTATTTTAAC GTCATTTTTA ATAATGCAGA TTCTTCACCA ACTTTTTTAA CAGCTGCAGT	2760
50	CGCAATGGCA ATTGATTGTG GTGAAATAAG TTTGCTGCT ACACCACCTG CAGTGTAGC	2820
	TGCCACAAGT AATGAACCGC TTGTTGAAAT TTGTTGTGCC ACTGTCGCTT GAATAGGTGC	2880

55

EP 0 786 519 A2

	TGGAGAGAAT AATGGGAAAA TTGCTCCCGC TTTAGCAATA CCTTGTCCAA TTGCTACAGT	3000
	CAAACCACCG TATGTCATAA CTTTAGCAAT AGCTAGGATA GCTGAAATTG TAAGGATCGG	3060
5	TAACCATAAT TCTTTAATTG CTTGACCAA TAAAGCACCT GCACTTTTCC ATTTTAACTT	3120
	CGTAATTAAA ATTGTAATAA TTAAGTTTAA TAAATCGCT GTCCCAGTTG CACCAATTAA	3180
10	ATCGAGACGC AACGCAATTC CTTTAGGCGA TAAATCACTC ACAGTATTTG GAATTGGCAA	3240
	TTTTATTACT AAACCTTCAA GTGCACCTCC AGGTTGGAAT AATTTTTTGA AGAATGGTGC	3300
	ACTCCATACT AATACAAAGG CAGTTAAAT TACGAACGGA CTCCAAGCAA AGACAATTTT	3360
15	TTTAGGCGTT CGTTTTTGAA TTTTATGTTT AGACGCTTCC AATCTGAAAA TGTTTTTTCGG	3420
	TTTAAATTTA CGACAAACAA ATGCTAACAC CACCATTGTT GCTAGTGATG GAATAATGTC	3480
	TGCTAGTTCT GGACCATGGA ATATTGTTAA TAATAATTGT AATCCAGTAT ATGTACCACT	3540
20	CACTGTTAAA ATGACAGGTA AAATTTCTTT AATACCTTTC ATACCATCTA CAATGAATAC	3600
	TAAAACAAAT GGAATAATAA AGTTTAAAT TGGAAGTGTT AATGCTGAGT ATCTCGCAAC	3660
	ATCTAATGTT GTAACGCCTC CACTTAAGTT AAACGTATCA ATAATACTAA CTGGTAAACC	3720
25	AATTGCACCA AAGGCACCCG CCGCACCATT AGCAATTAAA CATAACATCG CTGCTTTTAA	3780
	TGGTTCAAAT CCAAGTTGAA TTAATAATAC TGCACAAATC GCAATTGGCA CACCAAATCC	3840
30	TGCTGCACCT TCTAAAAATG CGTTGAAACA AAATCCAATT AATAATAGTT GGATTCTTTG	3900
	GTCCACTGAA ATACTTGCAA TACTATCTTG AATAATAGAA AATTGTCCTG TTTAATAGA	3960
	AACTTTATAT AACCAAACCTG CCATTAAAC GATATATCCT ATTGGGAAAA TACCGGCAAC	4020
35	AACGCCTTCT GTAATCGCAC CTGCTGATAC ACGCGCTGGT AATTCAAATA CAAATAAAGC	4080
	CACAATCAAT GTAACAACCA AAGTTGTCAA TGCTGCATAA ATGCCTTTCA TTTTAAAAAC	4140
	GGTTAAGCAT AATAAAAATA AAATAATAGG TACTGCTGCA ACTAAGGCTG ATAATCCGAC	4200
40	ATTATCGAAT GGATTACAG TAAGTAGTGT CATAATGACT CCTCTCTTT ATATAAAATA	4260
	TTTATCATTC TGATTAATCT ACAACCTATT TCAACTTATA TTTGCGATG ATCACATATT	4320
45	TAAATGTAA CACTCCTATA TGTGACAGGC AATCGAATTT TTACAAAAG TTCACAAAT	4380
	ATACACAATA TTTAACTATA ATATAATAATA TATCaTnTA ATTATAAATA CTAGATATTA	4440
	TTTATAATAA TCTCAGGAAT TCGCTTCAA ACTGCATCAT GAGAGTTTAT ATTTTATTG	4500
50	AGAATCTCTC ATTTTATGAA TTGTAGGAAG TAAACAAAAT ATGACAAGCG TCAAACCAAT	4560
	GATAATGATA AATATCATAT TAAACCATAG TAAATTGAAT TGATGATGGT GTTGATTTG	4620
55	CCAAATTTCT AATACTGTGA AGATAGACAT ATAGCTCATA ATCTCTAAAT TTAACGTACT	4680

AAATCGTTCA TAGTATCTAC CTGCAATGAA AAATATAAGC CAAATCACTA TAAATGCGCT 4800
 ATTAATCAAA AGCAGCACCC ATTTATCAGC AAAATTATCA GCATCCCCTG CTAAATTATA 4860
 5 ATGAATAGGC ACTTTGGTTG GTAATTTTGG ATAGGTCACT ACTGTATAGC ACATCATAGC 4920
 TAAGTAAATA AGTAGACTTA ATATTGTAAA AGACCTGATT TTAGACATTc TATCGCCTcT 4980
 TcTTTACATT TTATGTATAA CACTCTGCCT ATTTTACCTT TTAATaCATT ACCCCAaCGA 5040
 10 TtAAaCAATA tGTAAtGATA CTATAATTGC GTCAGGAGTA TCCGCTTGTT AAATGTGCAT 5100
 AGCTTATAATT TAGCTGTTTA ACATGCCACA TAATGATTcG AATTATT 5147

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 183:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1312 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 183:

25 CACTTACTTC CACCATTATC ATAAC TTAA AATGGATATA nTTCATCAAA CATTATCTAA 60
 AGGCGTCGCA CCTACACCAA CACCATCCAA CAATTAAC TT ACAACTCTGC GATTACTTCT 120
 30 TCAGCAGCAA CTTTCACnTG CGTAATACAA TCAGGTAGTC CAACCGCTTC AAAAGATGCA 180
 CCAGTTACTC TAAGTCGTGG ATATGTTTGT TTAATATGTG CTTGAATCTG TCTAATTTGT 240
 TGAATATGAC CGACATGGTA CTGTGGCATA CTTTTCGGCA AACGATTGAC AATTGTAAAT 300
 35 TCAGGATCAC CTTTAAATGT CATCATTTGA CTTAAATCTC TACGTACAAT CGATACTAAT 360
 TCATTATCTG TATGATCATC AACCACAGTA TCACCTGGTT TACCTACATA CGCACGAATC 420
 AAAACCTTAC CTTCCGGTGT AGTAAATGGC CATTTTTTCG ATGTCCAAGT ACATGCGGTA 480
 40 ATGTCTGTAT CACTCGTTCT CGCAATTACG AAGCCAGTAC CATCATGGGT ATTTTCAATG 540
 TCTTTTTTCAT CAAATGCCAA TACAACAGTT GCAACAGTCG TACTATCCAT CGTTTTAAAG 600
 TAATCAAATG CTGGATCTTG TCCGAACCAA TTTAAAAACA CTTGATGTGG TGTCGTTACT 660
 45 AATACGCCAT CATACTTC TTCTAGTTGA TCATTGTAAA CAATTTTATA TTGTTTTTGA 720
 GATGTAATTA TATCATCCAC TGACGTATTG TAGCGTATTG TCACACCTTT ATTTTAAACA 780
 50 TCTTGTTCTA ATGCTTCAAT AAATGAGCTT AAACCATGCT TAAATTGTTT GAATTGTCCT 840
 TTCGGTGCGC CAGGATATAA TTGTCTTGT TTCAGACGCT TATTTTCTC ATCCTTCATA 900
 CCTTTTATCA GACTTCCGAA TGCCTCTTCT TTTTCTTTAA AATTAGGAAA CGTACTCATC 960

55

TCAAGTACCT CATTACCTAA TCTTGCTCTG AAAAATGCAC CAACAGAAAT GTCACCATCC 1080
 TGCATTTGAG TAGGTTTTTT TAATAAATCA AACCTGCTC TTAATTTACC AAGTGGCGAT 1140
 5 ATTAATTTTG TAGTAACAAA TGGTTTAATA TCTGTGGAA TACCCATAAT TGAACCACCT 1200
 GGAATCGGAT ATAATTTATT TTTCGCAAAA ATATATGATT GTCCAGTCGT ATTTGTAACA 1260
 ATATCTTGTT CTAATCCAAT ATCTTTCGCT AATTCTGTCA TAATCGTTTT TC 1312

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 184:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6157 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 184:

TTTTACAATA AAAATATGAT ATACTACTTG TCGTATATAA GGAACGGAGG ACAATTTATG 60
 CATACATTTT TAATCGTATT ATTAATCATT GATTGTATTG CATTAATAAC TGTGTACTA 120
 25 CTCCAAGAAG GTAAAAGCAG TGGACTTTCA GGTGCCATCA GTGGTGGTGC TGAGCAGTTA 180
 TTCGGTAAAC AAAACAACG TGGCGTCGAT TTATTCTTAA ATAGATTAAC AATTATTTTA 240
 TCAATATTAT TTTTGTACT TATGATTGTC ATAAGTTATC TTGGTATGTA AGGTCCGGCG 300
 30 ATGTAAATGT CGGGCTTTTT TATTTATAAT TAAGAATGTA ATAGTTTAAAC AATAAGCTAT 360
 GTAAATATA TAGCCTAGTT AAGTATGCAA AGGGAGCGTT AGATTTATGC AGATAAAATT 420
 35 ACCAAAACCT TTCTTTTTTG AGGAAGGTAA ACGTGCCGTG TTATTACTAC ATGGTTTTAC 480
 AGGCAATTCTG TCTGATGTTT GTCAATTAGG TCGATTTTAA CAAAAGAAAG GTTATACATC 540
 ATATGCACCG CAATATGAAG GCCACGCGGC ACCACCAGAT GAAATACTGA AATCTAGTCC 600
 40 TTTCTTTTGG TTAAAGATG CGTTAGATGG TTATGATTAT CTTGTTGAAC AAGGTTATGA 660
 TGAAATTGTT GTTGCTGGTC TATCATTAGG TGGGGATTTT GCTTTAAAAT TAAGCTTAAA 720
 TAGAGATGTA AAGGGTATTG TAACGATGTG TGCTCCTATG GGTGGCAAAA CTGAAGGTGC 780
 45 CATTTATGAA GGCTTTTTAG AATATGCACG CAATTTTAAA AAGTATGAAG GTAAAGATCA 840
 AGAGACTATT GATAATGAAA TGGATCATTT TAAACCAACT GAACTTTAA AAGAAGTAAG 900
 TGAAGCATTA GATACGATTA AAGAGCAAGT TGATGAAGTG TTGGATCCTA TTTTAGTGAT 960
 50 TCAAGCAGAA AACGACAATA TGATTGATCC ACAATCCGCA AATTATATAT ATGACCATGT 1020
 AGATTCTGAT GACAAAAATA TCAAGTGGTA CAGTGAATCT GGACATGTTA TTACGATTGA 1080

EP 0 786 519 A2

	AGAATAAAAA GAGATTTTAA CATTAGAAAAG GAGGGGCATA ATGAATTTAA AGCAATCTAT	1200
	AGAAGAGATT ATTAATCAAC CTGAATATGA ACCTATGTCA GTGTCAGATT TTCAAGATGC	1260
5	ATTAGGTTTA AGCAGTGCCG ACTCGTTTAG AGATTTAATT AAGGTGCTTG TGGAGTTAGA	1320
	ACAATCAGGA TTAATCGAAC GTACAAAAAC AGACAGATAC CAAAAAAGC ATAGTTATAG	1380
	AGGTCAATCA AAATTGATAA AAGGAACGTT AAGTCAAAAT AAAAAAGGCT TTGCATTCTT	1440
10	AAGACCTGAA GATGAGGATA TGGAAGATAT ATTTATTCCC CCGACGAAAA TTAATCGTGC	1500
	CTTGATGGA GATACTGTTA TTGTAGAAAT CCATCAATCA AAAGGTGAAC ATAAAGGTAA	1560
	AATCGAAGGG GAAGTTAAGT CGATTGAGAA GCATTCTGTA ACTCAAGTTG TTGGTACGTA	1620
15	TAGTGAAGCT AGACATTTTG GCTTTGTTAT TCCGATGAT AAACGTATTA TGCAAGATAT	1680
	TTTCATTCTT AAAGGTCAAA GTTTAGGCGC AGTCGATGGT CATAAGGTAC TTGTACAAAT	1740
20	TACTAAGTAT GCTGATGGTT CAGATAATCC AGAAGGACAT ATTTCTGCTA TTTTAGGACA	1800
	TAAAAATGAT CCTGGCGTAG ATATTTTATC TATTATCTAT CAACATGGCA TAGAAATTGA	1860
	ATTTCTGAT GAAGTGTTAC AAGAAGCTGA AGCAGTACCT GATCATATTG AAAATACTGA	1920
25	AATTAAAGGC CGTCATGATT TACGTGATGA ATTGACAATC ACAATTGATG GTGCTGATGC	1980
	TAAAGACTTA GATGACGCAA TTAGTGTTAA AAAGTTAGCG AACGGTAATA CGCAATTAAC	2040
30	TGTAAGTATT GCTGATGTCA GCTATTATGT AACAGAAGGT TCTGCATTGG ATAAAGAGGC	2100
	ATATGATAGA GCGACAAGTG TATATCTTGT TGACCGTGTA ATTCCAATGA TTCCACATCG	2160
	ATTAAGTAAT GGTATTTGTT CATTGAATCC TAATGTTGAT CGTTTAACTC TAAGCTGTCTG	2220
35	CATGGAAATC GATGCTAGTG GTCGCGTTGT TAAACATGAA ATTTTGTGATA GTGTTATACA	2280
	TTCTGATTAT CGAATGACGT ATGATGCGGT AAATCAGATT ATTACTGAAA AGGATCCTAA	2340
	CATTCGCGAA CAATATAATG AAATTACGCC TATGCTAGAT TTAGCACAAG ATTTATCTAA	2400
40	TCGTTTGATT CAAATGAGAA AACGACGTGG TGAATCGAT TTTGATATTA GTGAAGCAAA	2460
	AGTATTAGTT AACGAAGACG GTATACCAAC AGATGTTCAA TTAAGACAAC GTGGCGAGGG	2520
	TGAACGTCTA ATTGAATCAT TTATGTTAAT TGCAAATGAA ACAGTTGCTG AACATTTTAG	2580
45	TAAGTTAGAT GTACCTTTTA TTTACCGAGT GCATGAGCAA CCTAAATCAG ATCGCTTAAG	2640
	ACAATTCCTT GATTTTATTA CAACTTTGG CATCATGATT AAGGGTACTG GCGAAGATAT	2700
50	TCATCCAACA ACACCTTCAA AGGTTCAAGA AGAAGTAGAA GGTGACCTG AACAAATGGT	2760
	CATTTCAACA ATGATGTTGC GTTCAATGCA ACAAGCGCAT TATGATGATG TGAACCTGGG	2820
55	ACATTTTGGC TTATCAGCTG AATATTATAC GCATTTTACA TCACCAATTA GACGTTATCC	2880

EP 0 786 519 A2

	AGAAGTGAAG CGTTGGGAAG ACAAATTGCC TGAGTTAGCT GAACATACTT CTAAACGTGA	3000
	ACGTCGTGCT ATTGAGGCAG AACGTGATAC TGATGaATTG AAAAAAGCAG AATATATGAT	3060
5	TCAACATATT GGTGATGAAT TTGAAGGTAT TGTCACTCA GTAGCTAACT TCGGTATGTT	3120
	CATTGAATTG CCAAATACGA TAGAAGGTAT GGTTCATATT GCGAATATGA CTGATGATTA	3180
	TTACCGTTTT GAAGAGCGTC AAATGGCATT AATTGGTGAG CGTCAAGCTA AAGTATTTAG	3240
10	AATTGGTGAC ACAGTTAAGG TTAAAGTGAC GCATGTTGAT GTAGATGAAC GATTAATTGA	3300
	TTTTCAAATT GTAGGTATGC CTTTACCGAA AAATGATCGA TCACAGCGCC CAGCGCGAGG	3360
15	TAAGACAATT CAAGCCAAAA CGCGTGGTAA ATCATTAGAT AAATCAAAAT CTGATGATAA	3420
	GGGTGCTAAG AAAAAAGGTA AGCAACGTAA AGGTAAAAAC CAACGTAATA ATGATAAAATC	3480
	AGGTAATAGT AAGCATAAGC CATTTTATAA AGATAAAAGT GTGAAAAAGA AAGCACGTCG	3540
20	TAAGAAAAAA TAAGCAGCAA TGAGGTGAGT ATGAATGGCT AAGAAGAAAT CACCAGGTAC	3600
	ATTAGCGGAA AATCGTAAGG CAAGACATGA TTATAATATT GAAGATACGA TTGAAGCGGG	3660
	AATTGTATTG CAAGGCACAG AAATAAAATC AATTCGCCGA GGTAGTGCTA ACCTTAAAGA	3720
25	TAGTTATGCG CAAGTTAAAA ACGGTGAAAT GTATTTGAAT AATATGCATA TAGCACCATA	3780
	CGAAGAAGGG AATCGTTTTA ATCACGATCC TCTTCGTTCT CGAAAATTAT TATTGCACAA	3840
	GCGTGAAATC ATTAAATTGG GTGATCAAAC ACGTGAGATT GGTATTTCGA TTGTGCCGTT	3900
30	AAAGCTTTAT TTGAAGCATG GACATTGTAA AGTATTACTT GGTGTtGCAC GAGGTAAGAA	3960
	AAAATATGAT AAACGTCAAG CTTTGAAAGA AAAAGCAGTC AAACGAGATG TTGCGCGCGA	4020
35	TATGAAAGCC CGTTATTAAG CGATTTAGTT GCTTAATCGG GCTATATTTG ATATAGTTAT	4080
	ATGTGCTTTT GTAAATTACA AAAGTATGAT TTGTTTGATT TATTATTTTCG GGGACGTTCA	4140
	TGGAFTCGAC AGGGGTCCCC CGAGCTCATT AAGCGTGTCTG GAGGGTTGTC TTCGTCATCA	4200
40	ACACACACAG TTTATAATAA CTGGCAAATC AAACAATAAT TTCGCAGTAG CTGCCTAATC	4260
	GCACTCTGCA TCGCCTAACA GCATTTCTTA TGTGCTGTTA ACGCGATTCA ACCTTAATAG	4320
	GATATGCTAA ACACTGCCGT TTGAAGTCTG TTTAGAAGAA ACTTAATCAA ACTAGCATCA	4380
45	TGTTGGTTGT TTATCACTTT TCATGATGCG AAACCTATCG ATAAACTACA CACGTAGAAA	4440
	GATGTGTATC AGGACCTTTG GACGCGGGTT CAAATCCCGC CGTCTCCATA TTTGTAGCCT	4500
50	ACAGCCTTTG TGGTTGTGGG CTTTTTTATT TTGTGTTTTT CAGGGGATAA TGCATTGCAG	4560
	AATTTGTTGT GAGTATTGAT ATAGCAGTGT TTGTATAGGT GTTTATTTGA TGGAGGAAAG	4620
	AGTAATAAGT GATTATGAAT TAGTTTTTGA GATATAAGGG GACAGTGATG TGTGTCAAAT	4680

55

	TTATACGCAA AAAATTCTCC ATGTTATATA TGTCATATA AAAATGTGAA TCGTCTACAC	4800
	TTAATTGGAT AAATGGCTAC TGAAAAAGAA CTTTTCATTT TTGTTACGTC ACTAAGTGGG	4860
5	TGTAGTTATA AAGAGATGAG CCGAGTTTTG ATATTTTCAT TAGAATCAAT ATGCCTATTA	4920
	ACACAATCAG CAATAGTTGA CGAGACGGAA ATAAAAGAAG TCGTAGTTAA GAAATGCATT	4980
10	TCACAACATA CCATTGTAGC CATTTTTATT GTTTTGGATG ATAAACTCTT TTTGGAATTT	5040
	TTAGTTTTTA TAATTTGCAA CTACACTACT TCTTTTACTA ATATTAATGT CTAAGTAATC	5100
	GATAAAAAAT TTTCCATTGA ATAAATGAGA AGTTAAAAAC TTTACTTAAC CTTTCyCATT	5160
15	GCATTTTCCT ATTCACGATT TTAAGAACCC AACATACTAC AAACGAATTT TAAAAGGCGA	5220
	GAGTAAAGCT TACTTGTTTA TTATACATAT TTAATCCCA AGAGTCAGAA CAGACTACTC	5280
	CTCTTTTATA CTATAAAAA TAGCTATGAA AAAATCTATC GTCATAGATT CCTTCATAGC	5340
20	TAATCTTAGT ATGTTTATTT TTATTTTAGG ATGCTATTTA TCAACTCAAC ATATAACTCA	5400
	CTATTTTTAT AACCTTCTAA TATATCATT ACTTGTCTAA TAGGTATTTT TGGTACTTCT	5460
	CTAATGTTTT CCAATTTTGT TTAAATTGT TTTTGTGTTA TTGCTCTTT ATTGTAGCC	5520
25	AATTGGAACA AGTAAGAATC TAGCATATTA ATTCTTTAT ATGAATACAT ATATCTTAAT	5580
	AACACTAAAT CTCTAGTTTT TAAGTTAGGC GCTAGTTCTT CTGTAAATTG TTCTATTGAT	5640
30	TGTYTCATTA ATAACAATCT CATTTCTAAT TCTTCATTAT TCATTTTATC ACACTCTTtT	5700
	TATATTAATG CTTGACCAAC TTGGGAAACC CAAAACCCTA TGCTTCTTGC AGTAGAATCT	5760
	TTAATACCAG TTCCCATCAA TGCTTGTGAA ACTTGACCTT GTACATTTCC CCATGTAGCC	5820
35	TCTTCTTGTT TTAATGCATT ATTCAATGCG GGATTTACAA ATTTATCCCA TCTTTTTTTT	5880
	ATGATTTTCC GGCACGGGGA CTGATTTCTT TAACACCATT AAACACAGAT TTTTATTTT	5940
	TAATCATAGC TTTATAGTAT CATGTTGGCT AAGCTATAAA TAAGTCAGTT TCTCTAAAAA	6000
40	TTAAATAACT GAATGTAAGA CAATCAACAA WCCAAATTTA TACTTCATCT AAACCACTGT	6060
	GGTCGTCATC TTTTGTCTT TCTTTTCTT TCTCTCGTTC TTGTTCTTTT TTGTAATCTT	6120
45	CTTCAAATTC TTTTCTTTC TTTTCTACTT CTCTCT	6157

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 185:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 884 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

CATTGTAT TCTGAGTAGC CAATTTGGCA AAGATGAACA AACGTCTGAA CAAACGTATC 60
 AAGTTGCAGT CGCATTAGAG TTAATTCATA TGGCAACACT TGTTCATGAT GACGTTATTG 120
 5 ATAAAAGCGA CAAGCGTCGA GGCAAGTTAA CCATATCAAA GAAATGGGAT CAGACAACTG 180
 CTATTTTAAC TGGGAATTTT TTATTGGCAT TAGGACTTGA AACTTAAATG GCCGTTAAAG 240
 ATAATCGTGT ACATCAATTG ATATCTGAAT CTATCGTTGA TGTTCGTAGA GGGGAACTTT 300
 10 TCCAATTTCA AGACCAATTT AACAGTCAAC AGACAATTAT TAATTATTTA CGACGTATCA 360
 ATCGCAAAAC AGCACTGTTA ATTCAAATAT CAACTGAAGT TGGTGCAATT ACTTCTCAAT 420
 CTGATAAAGA GACTGTACGA AAATTGAAAA TGATTGGTCA TTATATAGGT ATGAGCTTCC 480
 15 AAATCATTGA TGATGTATTA GACTTCACAA GTACCGAAAA GAAATTAGGT AAGCCGGTCTG 540
 GAAGTGATTT GCTTAATGGT CATATTACGT TACCGATTtTT ATTAGAAATG CGTAAAAATC 600
 20 CAGACTTCAA ATTGAAAATC GAACAGTTAC GTCGTGATAG TGAACGCAAA GAATTTGAAG 660
 AATGTATCCA AATCATTAGA AAATCTGACA GCATCGATGA GGCTAAGGCA GTAAGTTCCA 720
 AGTATTTAAG TAAAGCyTTG AATTTGATTT CyGaGTTACC aGATGGACaT CCGaGatCAC 780
 25 TACyTTTAAG TTTGACGAAA AAAATGGGTT CAAnAAACAC GTAGTATTTA TGNAAAAGTA 840
 TTGAAAGCGC TTTACCAACC TGTTAATATA TAATAGTAAT ATAC 884

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 186:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6876 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 186:

40 AATTTTATCT GCTCGTGCAA AATCTTTGTT TTTCTTGCT TCATTACGCT CTTCGATTAA 60
 TTTTCAACA TCTTCATCCA ATAATTCATC TGCAATTTTA GATTTTAACG GTACACCTAA 120
 AACATCGCTG AAAATTTGAT AAATGCTTT AAATTTATCA ATTACTTCTG TTGATGTGT 180
 45 GTTCTCTAGT ACATATTTAT TCGCAAGTkt TGCTAAATCA TACCAAGCTG TAATTGCATT 240
 AGCTGTATTA AAATCATCAT TCATAACTGT TTCAAAACGA TTTAAAATCG CATCAATTTG 300
 ATCAATATAT GTCTGTTGAT TTTCAATATT AGTAGCAATT TGTGCGCGCT CTTCAATTAA 360
 50 TTGATAACTA TTGCGAATAC GCTCTAGTcC aCTACGTGCT GATTCTACCA ATTCTAGATT 420
 ATAGTTAATT GGGCTTCTAT AATGTACGCT AATCATAAAG AATCTTAGTA CATCTGGATC 480

55

	ATTATCAATA TTAATGAAAC CATTATGCAT CCAATAATTA GCAAATGGCG CATGATTATG	600
	TGCTTCTGAT TGTGCTATTT CATTTTCATG ATGTGGAAAT TGTAATCTG AACCACCCGC	660
5	ATGTATATCA ATTGTAGGTC CTAGCTCATG AAATGCCATT ACAGAACATT CTATATGCCA	720
	TCCTGGTCTA CCTTCACCAA ATGGGCTATC CCAACTAATC TCGCCAGGTt CGCTTTTTTC	780
10	CACAATGTAA AATCAAGTGC ATCTTCTTTA TGCTCTCCTG CATCTATACG AGCACCCACT	840
	TTTAAGTCAT CTATGGATTG ATGACTTAAT TTACCATAAC CTTCAAATTT ACGTGTTCTA	900
	AAGTAAACAT CGCCACCACT TTCATATGCA TAACCTTGAT CCACCAAATC TTTAATAAAT	960
15	TGAATAATGT CATCCATATG GTCCATTACC CTTGGATTG AAGTCGCTTT TCTAACATTT	1020
	AACGCACCAA CATCTTCATG AAAAGCAGCG ATATATTTTT CTGCAATTC GGGAACAGAC	1080
	TGATTTAATT CTTGAGAACG TTTAATTAAT TTATCATCTA CGTCTGTAA ATTTGATACA	1140
20	TATTCTACAT TATATCCTTG GTATTCAAAG TAACGTCTCA CTACGTCATA ATTAATTGCw	1200
	GGTCTTGCGT TACCAATATG AATGTAGTTA TATACAGTAG GACCACATAC ATACATTTTT	1260
	ACTTTCCTG GTTCTATAGG CTTGAACACT TCTTTTTGAC GTGTAAGCGT ATTATATAAT	1320
25	GTAATCATCT TGAATCTCTC CATTCCTAGT CTTTTCAAGT TGTCGTTCTA AATGCTTAAT	1380
	TTGTTCATAA ATTGGATCAG GTAGATGGCG ATGATCAAAT GTTTTTCCAA CTCGAACACC	1440
30	ATCTTGCTTA ACAATATGTC CTGGTATACC AACACCGTT GAATAACTTG GAACTGATTG	1500
	TAAAACAACT GAATTTGCAC CAATATTTAC ATTTGAATTT ATTTTAATAT TTCCTAAAAC	1560
	TTTCGCACCG GCTGCTATTA AAACATTGTC TCCTATATCT GGGTGTCTTT TCCCTCTTTC	1620
35	TTTCCCTGTC CCACCAAGTG TCACGCCTTG ATAGATTGTC ACATTATCAC CAATTGTACA	1680
	TGTTTCTCCT ATTACAACGC CCATACCATG ATCTATAAAT AGACGCTTTC CAATTTTAGC	1740
	ACCTGGATGG ATTTCTATAC CTGTGAAAAA TCTTGAAATT TGAGATATCG CGCGTGCTGC	1800
40	AACATATTTT TTTTGTTGT ATAACCTATG TGCAATCAAA TGAATCCAAA CTGCATGTAA	1860
	ACCTGCATAC GTTGTAAATGA CTTCTAATGT TGAACGTGCC GCTGGATCCT GCTCAAATAC	1920
	CATTTTTATA TCGTCTCTCA TTCTTTTAA CAAGATCATT TCCTCCTCAA TGATTGAACT	1980
45	ACGTAAATAC ATAATTGAAG TACCTGCGAA ATTAAATATC AAAAAAGCAC CACTAACATA	2040
	CAAATTGTAT TGTTAGAGGC GCTTCCGCAC GGTTCCTCTC TGAATTTAGC GAATAACATT	2100
50	AATAATATTG CGGGCGCTTC CAAATTATCA AGGAACTAA GTCAACTTAA TGCTCATCAC	2160
	TCTCATTATA TATTTAATTC ATTTTACGAA GGTGCATTCA TTAATTTCTA CGTTGTACTC	2220
	ACAGCAACCG TACACTCTCT GCATCGTATA AATTTAATTA CTAATCCTTC GTTTTATATA	2280

55

EP 0 786 519 A2

	ATAAAATTCA AGTATATACT ACCTTGATCT TGTCTATTTT ATTACTTATA TTGTTTTAAA	2400
	CGGTTTAGCA CTTTTTCTTT ACCAAGTACT TCAATTGTAT TTGGTAATTC AGGACCATGC	2460
5	ATTTGGCCTG TTACAGCAAC ACGAATAGGC ATAAATAATT GCTTGCCTTT TATTCCTGTT	2520
	TCTTTTTGAA CTTCTTTAAT TGTCTTTTTA ATTTCAGCCG CTTCAAATGG TTCAAGTGCT	2580
10	TCTAATTTAC TGAATAAGTG CGTCATTAAC TCTGGTACTT GCTCTCCATT AATCACTTGT	2640
	TGTTCTTCTT CACCAAGAGC TGGCATTCTT TTAAAGAACA TTTCTGATAA AGGTACAATT	2700
	TCACCGGCAT AACTCATTTT TTTTTGATAA AGCGCAATTA ATTTGCGTCC CCAAGATAAA	2760
15	TCCTCTTCTG ACGGCACCTC AGGAATCAAA TTTGCTTTAA TTAAATGAGG TAATGCTAAT	2820
	TGGAATACTG TTTCAGTATC TTTTGTGTTT ATATATTGGT TATTAACCCA TGCTAATTTT	2880
	TGCTTATCGA AAAATGCTGG TGATTTTGAC AAACGCTTTT CATCAAAGAT TTTGATAAAT	2940
20	TCTTCTTTAG AAAAGATTTT TTCTTCACCT TCAGGAGACC AACCTAATAA CGCAATAAAA	3000
	TTAAATAACG CTTCAGGTAA ATACCTAAG TCACGATATT GCTCAATAAA TTGTAAAATT	3060
	TGCCCATCAC GTTTACTTAA CTTTTTACGT TCTTCATTAA CAATTAATGA CATATGACCA	3120
25	AAACGAGGTG GCTCCCAGCC AAATGCTTCA TAAATCATAA TTTGTTTAGG CGTGTGTTGAA	3180
	ATATGATCAT CACCACGAAT TACATCTGAA ATTTGCATGT AATGATCATC TATAGCTACT	3240
30	GCAAAATTGT ACGTTGGAAT GCCATCTTTT TTTACGATAA CCCAGTCACC AATACCATT	3300
	GAATCAAATG AAATATTTCC TTTTACCATA TCATCAAATG AATACGTTTG GTTTTGAGGT	3360
	ACTCGGAAAC GAATTGATGG TTGGCGTCTT TCTGCTTCAA ATTGTTGACG TTGTTCTTCA	3420
35	GTCAAATGCG CATGTTGACC ACCATAGCGA GGCATTTTCA CACGAGCGAT TTGCGCTTCA	3480
	CGTTCAGCTT CTAATTCTTC TTCTGTCATA TAGCATTTAT ATGCTTTATC TTCTGCTAGT	3540
	AACTGATCTA TTAATGGTTG GTAGATATGT TGACGTTTCA ATTGACGATA TGGTCCGTAG	3600
40	CCATTGTCTT TATCTACAGA CTCATCCCAA TCTAATCCTA ACCATTTAAG ATTATCAAAT	3660
	TGTGATGTTT CTCCATCTTC TAAATTACGT TTTTATCAG TATCTTCAAT TCGAATCACA	3720
	AAATCTCCGT TGTAATGTTT AGCATAAAG TAATTGAATA ATGCTGTTCT TGCATTACCA	3780
45	ATATGAAGAT ACCCAGTTGG ACTTGGTGCA TATCTTACTC TTATACGATC GTCATTTTTT	3840
	TTCACTCCTA AATTAAATAT CAGATTTTCA AGTTAGTTCA TATAAATTGT TCATTTGCTA	3900
50	TCTTCGACCG TCATAACAAA TGTCTAACTC GTCTTATTGT TAAAACGAAA CAATGCTTTT	3960
	TAACATGACC TTAAAATAAT TTCATTGTTT AATCATAACA TAATTCCTTG GGTAATATGC	4020
	TTAAATTTTA AATAGAAAGC TGTGTTTTTT TCAACACTTT AAAAAAGCTA TCCCTAAGAA	4080

55

	TTAAACTTCA AATTAACAT TCAAATACGT TAAAATTGAT TCTAATTTTG TATGTCTTGA	4200
	TTGCTATAAG AATAACTTTA TTAATATCTA AAATTTAACA CTTAATGAAC TTGTTTCAAT	4260
5	GATATATTAG CACTATTTGT ATTTTTTGAT AACTAATATG TTTTGCAATT ATTTATAGTT	4320
	ATACTTCAAA TTACAAACTC CGCCATTTCA TATACCTTTT AATATCTATT TTGTTTTCGT	4380
10	CAACTACAGT TTTTATAATG ATACTGTATC TTCGATTTTT TTAGCAAAAA CAATTCTTCC	4440
	TGAAGATGTT TGCAATAAGC TGACTIONTC TAAATTGACA TGACTIONCAA TAAGATTTTT	4500
	AGCATTATCA ACAACTACCA TCGTACCATC ATCTAGATAT CCTACTGCCT GACCAGGCTC	4560
15	CTTACCCATT TTTGTCAGTA AAATATGCAG TTGATCACCT TGATGTACAT TAGGTTTGAT	4620
	TGCTTCTGAT AAATCATTAA CATTTAATGC TTTGATACCA TGTACATGAC AAACTTTATT	4680
	TAGGTTGAAA TCTGTCGTTA TAATACTTGC ATGATATTGT TTTGCTAATT TTAATAACAT	4740
20	CGTATCAATA TCACTATGTG TTTTAGTTGG ATGTATAACC TTTGTAGGAT AGTCTAAATC	4800
	ATACAATTCA TTTAAATAT CTAAGCCTCT TTTACCCTTT TCACTGTTAA CACTGTCATT	4860
	TGAATCTGCA ACAATTTGTA ATTCATTAAT AACACCTTGT GGAATTAAAA TATTGCCATC	4920
25	GATAAAACCG CAACGAATGA CTTCTAAAT ACGACCATCA ATAATTGCGC TTGTGTCGAT	4980
	AATTTTTGGC GTAGCACTTT TAGTATGTTG TGACATGGAA CGCGCTATAT TCTCAGGTAA	5040
	AAACATTAAC ATTTTCATCTC GTTTTTTAAG GCCAAATTGG AAACCGAAAT AACATAGTAA	5100
30	TATCGTAATT ATGACAGGAA TGAAATGATT AAAAATAGAG TTGCCAATTG ATTCTAATAT	5160
	AAACGACACC ATAACAGAAA TAAGTAATCC GATTATTAAA CCTATTGTTG CGAATAGTAT	5220
35	TTCAACAGCA CTTCTACGCA TAATAAAATG TTCTAAACCT TTTATAGCGT TAGTAACTCG	5280
	TCTAATAAAT ACACCAAAAA TTAAGAACAT AAAAATACTA CCGATAATGC CATCTACATA	5340
	GTGATTTTTT AAAAAGCTGG AGTTTTGTAA TCCAAGATCA TTTGCAATTT CAGGAATAAT	5400
40	AATTATTCTT AATGCGCTCC CAATAATTAA GTAAATAATA ATAACCATTA GTTTAACGAT	5460
	ATTCACACAA TGTCCTCCTT TCTTGATGTT TTATGAATGA AGAGCAAATG ACAATACTTC	5520
	ATGTACAGTA GTTACACCTA TTACTIONTAT ACCTTCAGGA TATGTCCATC CGCCTATATT	5580
45	ATTTTTAGGA ATAATTACAC GTTTGAAACC TAGTTTTGCA GCCTCTTGCA CGCGTTGTTC	5640
	TATCCGAGAT ACACGACGTA CCTCACCCGT TAAACCAACT TCTCCAATAT AGCAATCTAA	5700
50	TCCGTCGACA GCTTTATCTT TAAAGCTAGA TGCAGTTGCT ACAATTACAC TTAAATCAAC	5760
	TGCTGGCTCC GTTAACTTTA CACCGCCAGC TACTTTGATA TAAGCATCTT GTTGTGTGAA	5820
	TAGATAATTT TCTTTCTTTT CCAAACAGC CATCAACAAA CTTAATCGAT TATGATCAAT	5880

55

TATTAAGAGT GGTCTGGTTC CCTCCATGGT TGCAACAATT GTTGAACCTG GAACATTTGT 6000
 TGAACGTTCT TCTAAAAACA TTTCAGATGG ATTATTTACA CCTTTTAATC CACTTTGCTT 6060
 5 CATTTCGAAG ATTCCcATTT CATTCGTTGA ACCAAAACGG TTTTAAACAG CTCGCAAAAT 6120
 TCGATATGCG TGGTGTTCAT CGCCTTCAAA ATAAAGCACA GTATCaACCA TGTGTTCTAG 6180
 CAATCTTGGG cCCAGCAATT TGACCTTCTT TCGTTACATG ACCCACTATA AAAGTTGCaA 6240
 10 TGTTCATTTG TTTAGCAATA TTCATTAAAC TTTGTGTA CTTCACGAACT TGTGAAACAG 6300
 AACCTGGCGC AGAGCTGATT TCAGGATGAT ATATTGTTTG AATCGAATCC ACTACTAATA 6360
 AATCAGGTG TTCTTCTTTT ACTGTTTGAT AAATAACTTC AAGATCTGTT TCAGCTAATA 6420
 15 CTTGCAATTC ACTTGAATCT TCATCTAATC GCTCTGCACG TAATTTAGTC TGAATAAGCG 6480
 ATTCTTCTCC AGTAATATAT AGTACTTTTT TCTTTTGAGA TAACGATGCA CAAATTTGTA 6540
 20 AAAGTAACGT TGAATTACCA ATACCTGGAT CCCCAACCAAT AAGTACTAAC GATCCGCTCA 6600
 CAATACCTCC ACCTAATACA CGGTTGAATT CTGCTGAATC TGTTAAACT CTCGGCGTTG 6660
 TTTTCATGTTT AATACTATTT AATTTTTGTA CTTTACCTGC TAATTCCTTG GTTTAAACTC 6720
 25 CATGTTTAGG ATTGGCTGCT TTTTCAACAA TTTCCCTCCAT TTGATTCCAA GCGCCACAAT 6780
 TAGGACATTT CCCCATCCAT TTAGGAGATT GATAACCACA AGCCATACAT TCAAAAATCA 6840
 CTTTTTCTT GGCCaAATT GCaCTCCAC TTTCTT 6876
 30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 187:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1193 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 187:

45

50

55

CAACTCAAAC AGCAGAACAA CGTCGTGAGT TGATTAATGG TGTATTTACT GACATTAATC 60
 CCATACATTA AAAATATGAT GTACGTGTTA GCAGATAATA GACATATCTC ATTAATAGCT 120
 GACGTATTCA AGGCGTTCCA AAGCTTATAT AACGGACACT ACAATCAAGA TTTTGCAACA 180
 ATTGAGTCAA CATATGAATT GAGTCAAGAA GAGTTAGATA AGATTGTCAA ACTAGTAACT 240
 CAACAAACGA AGTTATCTAA AGTTATTGTA GATACAAAAA TTAATCCAGA TTTAATTGGT 300
 GGATTTAGAG TTAAAGTCGG CACAACCTGTA TTAGATGGTA GTGTTAGAAA TGATCTTGTC 360
 CAATTACAAA GAAAATTTAG AAGAGTTAAT TAATTATAAA GAGGAGTGAC ATAGATGGCC 420

5 ATGTCCGTAA CTGATGTAGG TACTGTATTA CAAATTGGTG ATGGTATTGC ATTAATTCAC 540
 GGATTAAATG ACGTTATGGC TGGTGAGCTA GTAGAATTCC ATAACGGCGT ACTTGGTTTA 600
 10 GCCCAAAACC TTGAAGAGTC AAACGTGGGT GTGGTTATTT TAGGACCATA CACAGGTATT 660
 ACTGAAGGTG ACGAAGTTAA ACGTACTGGT CGTATCATGG AAGTACCAGT AGGTGAAGAA 720
 CTAATCGGAA GAGTTGTTAA TCCATTAGGA CAACCTATTG ATGGACAAGG ACCGATTAAAC 780
 15 ACAACTAAAA CACGTCCaGT AGAGAAAAAA GCTACTGGTG TAATGGATCg TAAATCAGTA 840
 GATGAGCCAT TACAAACAGG TATCaAAGCA ATTGATGCTT TAGTACCAAT TGGTAGAGGT 900
 CAACGTGAGT TAATCATCGG TGACCGTCAA ACAGGTAAAA CAACAATTGC AATTGACACA 960
 ATTTTGAACC AAAAAGATCA AGGTACGATT TGTATCTATG TTGCTATTGG TCAAAAAGAT 1020
 TCAACAGTAA GAGCAAATGT TGAAGAGTTA AGACAAGCAG GCGCTTTAGA CTACACTATT 1080
 20 GTTGTAGCAG CATCAGCTTC TGAACCTTCT CCATTATTAT ATATTGCACC ATATTCAGGT 1140
 GTAACAATGG GTGAAGAATT CATGTTTAAAC GGTAAACATG TTTTAATCGT TTA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 188:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 5549 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 188:

35 TGCTAAGAAG TCAAAATAAA CTAACtATna AACATCTAGT ACGATTATTA AAGTGACAGA 60
 TnATAAAATT GAATTATTna GAGAAGGAGA TATAAAGTTT GAAGAAATAA AAGAAAGACT 120
 AGGTāCAGGT ATTATTTATG AATAAGTTAA TACTTGGGAT TTATTTATAC CGAATTTTTT 180
 40 CACGAGCATA CTTTTATTTA CCGTTTTTAT TAATTTACTT TTTGATTCAA GGTTATTCCA 240
 TAATACAATT AGAAATATTA ATGGCGTCTT ATGGCATTGC AGCATTTTTA TTCTCTCTAT 300
 ACAAGAGAGAA GTGTTTTTAAA ATTTGTAACt TAAAAGATTC TAATAAATTA GTTGTTAGTG 360
 45 AAATATTCAA AATCATCGGT TTATGTGTTG TATTATATCA AAATCAATAT TTAATTTTAG 420
 TAGTGGCACA AATATTATTA GGGTTAAGTT ACTCAATGAT GGCGGGTGTT GATACCGCAA 480
 TAATTAAAAG AAATATAACA AATGAGAAAT ACGTACAAAA TAAGTCAAAT AGCTATATGT 540
 50 TCCTATCATT ATTAATTTCA GGGATTATAG GTAGTTATCT TTATGGAATA AATATTAAAT 600
 GGCCTATAAT AATGACTGGT ATATTTTCAA TTCTAACAAT TATAATTATT CGATGCACAT 660

55

	TACCAGAAGA GAAGTTTTGG ATATTGCATT ATTCTTTTTT AAGAGCGTTA ATATTAGGAT	780
	TTTTTATAGG ATTTATTCCA ATTAATATAT ATAATGATT AAAACTGAAT AATTTACAAT	840
5	TTATTTTCAGT ATTAACCTGT TACACAGTTA TGGGTTTTGT ATCTTCACGT TATTTAACTA	900
	AATACTTGAA TTATAAGTTT GTGTCAGAAA TTTGTTTAGT AATATTTTTA ATAATATATA	960
10	CATATCAAAG TTTCATAGCA GTTACTATTT CTATGATATT TTTAGGTATT TCTTCAGGGT	1020
	TAACCTGCTC ACAAACTATA AATAAACTTT CTAGCAGTAG TAACTTAAGA GTGATGCTTA	1080
	ATTATGCAGA AACGTTATAT TTTATTTTTA ATATCGCATT TTTACTTATG GGTGGTTACT	1140
15	TATATACAAT AGGAACTATT CAATACTTAA TATTATTTAT TTCGTTATTA ATTTTTATAT	1200
	ATTTAATAAT AATATTTYAT TTTACAAGGA GAGAGCAACA TGAAAATAAA AACTGAATTT	1260
	AAAGGGAACA ATATACCATA TGAATACGCA GCAGGTGCAG ATGTGAGTGA TTCTATTAAC	1320
20	GGGAATCCAA TTAAGTCATT TCCATTTGAA GTAATTGAAT TACCGGAAGG GACTAAATAT	1380
	CTTGCTTGGT CTTTAATTGA CTATGATGCA ATTCCTGTAT GTGGCTTTGC TTGGATTCAT	1440
	TGGAGTGTAG CTAATGTAAG TGTTAGTGGC AATTCAATTT CTATAAAAGC AGATTTATCA	1500
25	AGAACAAAGG GCGACTATGT ACAAGGTAAG AATAGCTTTA CTAGTGGGTT GTTGGCTGAA	1560
	GATTTTTTCAG AAATAGAAAA TCACTATGTA GGACCTACAC CACCTGATCA AGATCATCAA	1620
30	TATGAATTAA CAGTTTATGC GTTAGATCAT TCTTTAAATT TGAAGAATGG GTTCTACTTG	1680
	AATGAATTTT TAAAGAAGT AAATCAACAT AAAATTGATC AAACAAGTAT TAACCTTATA	1740
	GGAAGAAAAA TTTAATACTA AATATCTCAT CAATATAAAA TTGTTCAATT AAAAGTACAA	1800
35	AGAAACAAAG GTTTTAATTT ATATATTAGG TACGGCGTTC GCTATAATGC AAAGAAGTAA	1860
	TTAAATTTAA GAAATGTAAA CTTAGTTATT GTAATGTGAA TTTATTTGAA AAAATAGAAA	1920
	GTATTAAACA TTATAGCTTT TACATTAATT AAAATTTATT TTTAAAAACA AGTAAACAAT	1980
40	TTACATACTT ATAATTTTTG AAAATTTTCA ATTTGTGTTA TATTGATTTT GTAAGATACT	2040
	TTAACTCACA AAGGAGAGAG AGTATATGAA ATTAAATCA TTTATAACTG TAACTTTGGC	2100
	ACTGGGCATG ATCGCAACGA CTGGCGCTAC TGTGGCAGGT AATGAGGTAT CTGCAGCAGA	2160
45	AAAGGACAAA CTACCGGCAA CTCAAAAAGC TAAAGAAATG CAAAATGTTC CATATACAAT	2220
	TGCAGTAGAT GGCATTATGG CTTTCAATCA ATCTTACTTA AATTTACCAA AAGATAGCCA	2280
	ATTATCATAT TTAGATTTAG GAAATAAAGT TAAAGCTTTG TTATATGATG AACGCGGTGT	2340
50	AACACCTGAG AAGATTCGAA ATGCAAAATC TGCCGTTTAC ACGATTACTT GGAAAGATGG	2400
	TAGTAAAAAA GAAGTGGATC TTAAGAAAGA TAGCTACACA GCAAACCTGT TTGATTCAAA	2460
55		

	CAACATGAAG CATTTAATTT TACAGTGATG ATTATAAAAT AATTGCCTTG ATACAAAGAT	2580
	TACTCGTAAA TGACATCTTT GTATTAAGGC TTTTCTAAA TTTAAAAGTG ATGGGTTAGA	2640
5	GGTCATTGAG CTTTAAAATA TTCAAATAC AAAACATTAA TGGCCAAAAA TAAAAGCCGC	2700
	CTTTATCTGG GCAGCTTCAA TAATAAGAAA GACATATTC ATTTTATACT AAATAGTTAT	2760
	TGTGATGAAT CTTTCGGCGG TTTAATTACT GCAGCAAAAA TTGCTGTGAA AATCGTGAAC	2820
10	AATACTGCCA TGATAATTGG ATTCACTACA TTAAAGCTGT CTCCACCTAC TAGGCTATTA	2880
	AGTACAAAGT TAACCATTGG CATTAAATAT AATGCCCAA AGAATGTTAC GAGGTGTTTC	2940
15	ATGTCATTCT ACCTCCACTT TAATTATATA TATTTTATTT TAAGTGAAAG TTAGAAATTT	3000
	GTATAGTAAC ATCTCATATA TTTTGACCAT ATTATACAGT TTAAATAAAT GATTTTATCT	3060
	GAATGGCTAT TCTAAATTAA GCGCATTAAA ACCAATTTCA TACTGAAATT TGACGATAAT	3120
20	AAAGCATTAA AATTTTATTA ACTAGTCAAT ATTCCTACCT CTGACTTGAG TTTAAAAAGT	3180
	AATCTATGTT AAATTAATAC CTGGTATTAA AAATTTTATT AAGAAGGTGT TCAACTATGA	3240
	ACGTGGGTAT TAAAGGTTTT GGTGCATATG CGCCAGAAAA GATTATTGAC AATGCCTATT	3300
25	TTGAGCAATT TTTAGATACA TCTGATGAAT GGATTTCTAA GATGACTGGA ATTAAGAAA	3360
	GACATTGGGC AGATGATGAT CAAGATACTT CAGATTTAGC ATATGAAGCA AGTTTAAAG	3420
	CAATCGCTGA CGCTGGTATT CAGCCCGAAG ATATAGATAT GATAATTGTT GCCACAGCAa	3480
30	CTGGaGATAT GCCATTTCa ACTGTCGCA ATATGTTGCA AGAACGTTTA GGGACGGGCA	3540
	AAGTTGCCTC TATGGATCAA CTTGCAGCAT GTTCTGGATT TATGTATTCA ATGATTACAG	3600
35	CTAAACAATA TGTTCATCT GGAGATTATC ATAACATTTT AGTTGTCGGT GCAGATAAAT	3660
	TATCTAAAAT AACAGATTTA ACTGACCGTT CTA CTG CAGT TCTATTTGGA GATGGTGCAG	3720
	GTGCGGTTAT CATCGGTGAA GTTTCAGATG GCAGAGGTAT TATAAGTTAT GAAATGGGTT	3780
40	CTGATGGCAC AGGTGGTAAA CATTTATATT TAGATAAAGA TACTGGTAAA CTGAAAATGA	3840
	ATGGTCGAGA AGTATTTAAA TTTGCTGTTA GAATTATGGG TGATGCATCA ACACGTGTAG	3900
	TTGAAAAAGC GAATTTAACA TCAGATGATA TAGATTTATT TATTCCTCAT CAAGCTAATA	3960
45	TTAGAATTAT GGAATCAGCT AGAGAACGCT TAGGTATTTT AAAAGACAAA ATGAGTGTTT	4020
	CTGTAAATAA ATATGGAAAT ACTTCAGCTG CGTCAATACC TTAAAGTATC GATCAAGAAT	4080
	TAAAAAATGG TAAATCAAA GATGATGATA CAATTGTTCT TGTCGGATTC GGTGGCGGCC	4140
50	TAACCTGGGG CGCAATGACA ATAAAATGGG GAAAATAGGA GGATAACGAA TGAGTCAAAA	4200
	TAAAAGAGTA GTTATTACAG GTATGGGAGC CCTTTCTCCA ATCGGTAATG ATGTCAAAAC	4260
55		

TGAACCTTAT AGCGTTCAC TAGCAGGAGA ACTTAAAAAC TTTAATATTG AAGATCATAT 4380
 CGACAAAAAA GAAGCGCGTC GTATGGATAG ATTTACTCAA TATGCAATTG TAGCAGCTAG 4440
 5 AGAGGCTGTT AAAGATGCGC AATTAGATAT CAATGAAAAT ACTGCAGATC GAATCGGTGT 4500
 ATGGATTGGT TCTGGTATCG GTGGTATGGA AACATTTGAA ATTGCACATA AACAAATTAAT 4560
 10 GGATAAAGGC CCAAGACGTG TGAGTCCATT TTTCGTACCA ATGTTAATTC CTGATATGGC 4620
 AACTGGGCAA GTATCAATTG ACTTAGGTGC AAAAGGACCA AATGGTGCAA CAGTTACAGC 4680
 ATGTGCAACA GGTACAAATT CAATCGGAGA AGCATTTAAT ATTGTGCAAC GCGGTGATGC 4740
 15 AGATGCAATG ATTACTGGTG GTACAGAAGC ACCAATTACT CATATGGCAA TTGCTGGTTT 4800
 CAGTGCAAGT CGAGCGCTTT CTACAAATGA TGACATTGAA ACAGCATGTC GTCCATTCCA 4860
 AGAAGGTAGA GATGGTTTTG TTATGGGTGA AGGTGCTGGT ATTTTAGTAA TTGAATCTTT 4920
 20 AGAATCAGCA CAAGCTCGAG GTGCCAATAT TTATGCTGAG ATAGTTGGCT ATGGTACTAC 4980
 AGGTGATGCT TATCATATTA CAGCGCCAGC TCCAGAAGGT GAAGGTGGTT CTAGAGCAAT 5040
 GCAAGCAGCT ATGGATGATG CTGGTATTGA ACCTAAAGAT GTACAATACT TAAATGCCCA 5100
 25 TGGTACAAGT ACTCCTGTTG GTGACTTAAA TGAAGTTAAA GCTATTAAAA ATACATTGG 5160
 TGAAGCAGCT AAACACTTAA AAGTTAGCTC AACAAAATCA ATGACTGGTC ACTTACTTGG 5220
 TGCAACAGGT GGAATTGAAG CAATCTTCTC AGCGCTTTCA ATTAAAGACT CTAAAGTCGC 5280
 30 ACCGACAATT CATGCGGTAA CACCAGATCC AGAATGTGAT TTGGATATTG TTCCAAATGA 5340
 AGCGCAAGAC CTTGATATTA CTTATGCAAT GAGTAATAGC TTAGGATTG GTGGACATAA 5400
 35 CGCAGTATTA GTATTCAAGA AATTGAAGC ATAACATAA NAATCTTCAG TAACGTTGTT 5460
 TTAGTTACTG AAGATTTTTT CaGTTTCTTT ATACTAAGAT GAGCGACaCa CAATCGTCAT 5520
 AATAAAATAT GAATATTTAT TAATAATAA 5549

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 189:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4832 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 45 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 189:

AGATTATAGT AAGATTGATA GTTTGGCGAC TGaAGCGCa GaAAAATTAT CAGaAGTAAA 60
 mCCTTTAAAT ATTGCACAAG CTTCTAGAAT ATCAGGGGTA AATCCAGCAG ACATATCTAT 120

55

	TGGTTAGCAG	AACAATTAAA	AGAACATAAT	ATTCAATTAA	CTGAGACTCA	AAAACAACAG	240
	TTTCAAACAT	ATTATCGTTT	ACTTGTGAA	TGGAATGAAA	AGATGAATTT	GACAAGTATT	300
5	ACAGATGAAC	ACGATGTATA	TTTGAAACAT	TTTTATGATT	CCATTGCACC	TAGTTTTTAT	360
	TTTGATTTTA	ATCAGCCTAT	AAGTATATGT	GATGTAGGCG	CTGGAGCTGG	TTTCCAAGT	420
10	ATTCCGTTAA	AAATAATGTT	TCCGCAGTTA	AAAGTGACGA	TTGTTGATTC	ATTAAATAAG	480
	CGTATTCAAT	TTTTAAACCA	TTTAGCGTCA	GAATTACAAT	TACAGGATGT	CAGCTTTATA	540
	CACGATAGAG	CAGAAACATT	TGGTAAGGGT	GTCTACAGGG	AGTCTTATGA	TGTTGTTACT	600
15	GCAAGAGCag	TAGCTAGATT	ATCCGTGTTA	AGTGAATTGT	GTTTACCGCT	AGTTAAAAAA	660
	GGTGGACAGT	TTGTTGCATT	AAAATCTTCA	AAAGGTGAAG	AAGAATTAGA	AGAAGCAAAA	720
	TTTGCAATTA	GTGTGTTAGG	TGGTAATGTT	ACAGAAACAC	ATACCTTTGA	ATTGCCAGAA	780
20	GATGCTGGAG	AGCGCCAGAT	GTTCAATTATT	GATAAAAAAA	GACAGACGCC	GAAAAAGTAT	840
	CCAAGAAAAC	CAGGGACGCC	TAATAAGACT	CCTTTACTTG	AAAAATAATG	CATAATCCTT	900
	TACAATAAC	ATAAAAGGAG	CGAATGGATA	ATGAAAAAAC	CTTTTCAAA	ATTATTTGGT	960
25	TTGAAAAACA	AAGATGACAT	CATTGGACAT	ATTGAAGAAG	ATCGCAATAG	TAATGTTGAA	1020
	TCCATTCAAA	TTGAACGTAT	CGTTCCCAAC	CGTTATCAAC	CAAGACAGGT	GTTTGAACCA	1080
30	AATAAAATTA	AAGAACTTGC	TGAATCAATA	CATGAACATG	GTTTACTACA	ACCTATTGTT	1140
	GTAAGACCGA	TTGAAGAAGA	TATGTTTGAA	ATTATTGCTG	GAGAGCGCCG	ATTAGAGCA	1200
	ATACAATCAC	TAAATTTACC	TCAAGCAGAC	GTTATTATTC	GTGATATGGA	TGATGAAGAG	1260
35	ACGGCTGTTG	TTGCATTAAAT	TGAGAATATT	CAAAGAGAAA	ATTTGTCTGT	TGTTGAAGAA	1320
	GCGGAAGCCT	ATAAGAAATT	ATTGGAAATT	GGTGATACAA	CGCAAAGTGA	ATTGGCAAAA	1380
	AGTTTAGGTA	AAAGTCAAAG	CTTTATTGCA	AATAAGTTGC	GTTTATTGAA	GTTGGCGCCG	1440
40	AAAGTACTAC	TTCGCTTAAG	AGAAGGTAAA	ATTACTGAAC	GTGATGCGAG	AgcGGtATTA	1500
	TCATTGTCTG	ATAGCGAACA	AGAAGCGTTG	ATTGAGCAAG	TCATTGCACA	AAAGCTAAAT	1560
45	GTGAACAGAc	TGAAGATAGA	GTACGCCAAA	AAACGGGGCC	CGAAAAAGTC	AAAGCACAAA	1620
	ACCTTCGCTT	TGCACAAGAT	GTCACCTCAAG	CACGAGATGA	GGTAGGCAAA	AGTATCCAAG	1680
	CGATTCAACA	AACAGGATTA	CATGTTGAGC	ATAAAGACAA	AGATCATGAA	GATTATTATG	1740
50	AAATAAAAAAT	TCGAATATAT	AAACGTTaGT	AGTAGGATGT	CGTATACATG	ATGACTAACA	1800
	CATAAAAGAC	AAAGCTAAGA	TCATAACAGC	TTTGTCTTTT	TTTTTTGTTT	TACGTGAAAC	1860
	ATAAAAATTT	ATATTTATAT	GTTGATCAGG	CTGGTACATA	AATCAATGTT	CTATGCTCTA	1920

55

	TTCTAGTCAA CCTTGCTGGG GTGGGACGAC GAAATAAATT TTGCGAAAAT ATCATTCTG	2040
	TCCCACCTCCC TAATTTGAGC TGGATATACT TTCATTTGAA CCCTTTATTG CTAGTTTATG	2100
5	AAAGTATCAT GAAAGCTTTA TGAACATCGC TTGAGTTGCC TTTACAGTAG AAAATTTAAG	2160
	TTTTACACTT TGTGTGAATG ATACGTTTTG TATTGAATTA ATTATAGAAA GGTACGTTGA	2220
	AGATGTTTTTC AATTGGAAGT GCAATTCCTC ATTTTGTCAT TGGTGGTATC GCTGTTGCAT	2280
10	TAGCTTCAAT TATTGCTGAT AAGGTAGGTG GTAAGTTAGG AGGTATTATA GCTACTATGC	2340
	CGGCAGTCTT TCTTGCGGCT ATTATCGCAT TAGCTTTAGA TCATCGTGGT ACGCAATTAG	2400
	TGGAGATGTC GATGAATCTT AGTACTGGAG CAATTGTCGG TATTCTGTCT TGTATATTAA	2460
15	CTGTATTTTT GACATCTCTC TACATTAAGC ATAAAGGTTA TCGGAAAGGC GCAATATTCA	2520
	CAGTTGTTTG TTGGTTTGTC ATTTCCCTCG CAATATTCAG TATTAGACAT TTATAGTTTG	2580
20	GAAAATGCGT GATAATTAGT TGTATTCAGT TATTAAGTAA TAAATTATTG GAGGCAGAAC	2640
	ATCATGAAAT TAACATTAAT GAAATTTTTT GTGGGGGGAT TTGCAGTATT ATTAAGTTAT	2700
	ATTGTATCTG TAACACTACC TTGGAAAGAA TTTGGCGGTA TATTTGCaAC GTTCCCGCA	2760
25	GTATTTTTAG TGTCTATGTT TATTACAGGT ATGCAATATG GTGATAAAGT CGCTGTGCAT	2820
	GTAAGTCGTG GCGCAGTGTT TGGTATGACA GGGGTATTAG TTTGTATTTT AGTTACATGG	2880
	ATGATGTTAC ATATGACGCA CATGTGGTTG ATTAGCATTG TTGTTGGTTT CCTAAGCTGG	2940
30	TTCATCAGTG CAGTATGTAT TTTTGAAGCG GTAGAATTTA TAGCACAAA AAGATTAGAA	3000
	AAGCATAGTT GGAAAGCTGG AAAATCGAAT AGTAAATAGT GTGAACGTAA TCTCTTAACT	3060
35	AGGACTAACT TTGCAAGCAT TGAATAGCAT GGAAAAGTTG CATCATTAAT AAGTGAAATT	3120
	CAAGTTGGCA TTGAGAAAAT TACAAGCGCG TAATCATACA GGTCTGTCTT AAGGGAGTCT	3180
	TCGAACCCCG ATGTTGTCGT ATGTCAAAAC ATTTAGTCAA TCATAAAGGT GACTTGATTT	3240
40	AACTTTATCT GATAGTCTGA TTGTAATGAT TGTACTAATT GACTGGAGGC GTATGTAATT	3300
	GAATCTGAGT AAACAAATTA AAAAGTATAG GGAACGAGAT GGTTATTCAC AAGAATATCT	3360
	TGCTGAAAAG TTATATGTAT CTAGGCAGAG TATTTCTAAT TGGGAAAATG ACAAAGCTT	3420
45	ACCAGACATA CATAACTTAT TAATGAYGTG TGAATTGTTT AATGTAACTT TAGATGATTT	3480
	AGTAAAAGGG ACCATTCCAT TTGTACCTGA TATTAAAGCG CAACGAAGTC TTAACCTATG	3540
	GACATATGTG ATGCTTATTT TCATGACATT AGCTGCAATT TTAATGGGAC CTTTAGTTGT	3600
50	TTATTGGAAT TGGACTTGGG GTGTAACGGT GGCAATCATT TTGGGAATAG GTTTTTATGC	3660
	ATCTATGAAA ATAGAAGATT TAAAAAAGT GCATAAAATG GACAACTACG ATCGAATTGT	3720

55

5 GACAAATGCG CTTTCTATTA TATCAGTAAT TGGTATACTC AGCCTCATAA TTTTCCTTAG 3840
 TGTGTATTTG GCAAATAAGT TTTTATAAAT CATCGTGGTA TCGTCTCATA TTATTTATAT 3900
 10 TATCCAAAAT AGCATAAAAA AATACCAACA AGATTTAGAA CCTTGTGGT AATCAAAGCG 3960
 aTTCATTTAT AATGAGTCGT TTTATGTTGT AAGATTAAAC AGTTTGTACG TTAAGTCTT 4020
 GGTCTCCACG TTGACCTTCA GTGATTTTCA AAGTAACTTT TTGACCTTCT TCTAAAGTTT 4080
 15 TGAGCCATC GCTAGCGATA CCTGAGAAAT GTACGAATAC GTCTCCGCCA TTTTCTTGTT 4140
 CGATGAAACC AAAACCTTTT TCTGCTTTAA ACCATTWAC TGTACCGTTA TTCATATWGA 4200
 AwACCTCCGT gTGCTTTTGC ACTTAATATT TGTAACAAAT TCATAACTAA AAAAGAGGAT 4260
 ATTCTAAACA AATACACTAC AATTTAATTC ACGAGCTTTT ATTACGTAAG ACCAACTATA 4320
 CGCTCATATT GGCATAATGT ACAGTGT TTTT TGTAAAATAA ATTAATAAAG ATTTTAAAAA 4380
 20 ACCTTAGAAA CGTTGATTTA AAGGGGTTTA TAAAAATWAw AAAATTGTAG TCTTTTATGG 4440
 TGTGTGCTAG TTTTCAAAGT GACATATCGT TTAACATGA TGATTTTATA AGCAATCCAT 4500
 AAAAAACAAG CAGCGATAAA CGCTACTTGT TGATATTAAA ATCTGACTTG AAAGGTCATA 4560
 25 GCAATGTTCT ATACCGATGG AATGTGCTTA CTTGCCTTTT TCTTCACGAC GTTTTAAATA 4620
 ATAAGAGCCA CCTAATAAAC CAGCTGGAAT GCCTATCATT GGTGTTGTGA ATGAGCTTAA 4680
 TACAATAACA AGTATTGTGA AAGCAATGAC GTTATACCAA GTTACAGTCA AATTTTCAA 4740
 30 ATCCTCATAT GATTGTTTTA CTAATTCTCT AAATTTTCATG ATTCAATCTC TCCTTTTTTA 4800
 TAAATCTTTA GATTGTCAA TTAAGCTGGA CA 4832

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 190:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5727 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 190:

45 CAAAGCTGTT CAAAAGGCTT ATAATTTAAA TTTAGATAAC ATACGTACAA TGGAACCTAA 60
 GTTGAGATAT CAAGCGATCA ATAAAGGTAA TATTAATTTA ATAGATGCAT ATTCAACTGA 120
 CGCTGAATTA AAACAATATG ATATGGTTGT GTTAAAAGAT GATAAGCACG TATTTCCACC 180
 50 ATATCAAGGA GCACCATTAT TTAAAGAAAG CTTTTTAAAG AAACATCCAG AAATTAAGAA 240
 ACCGTTAAAC AACTAGAAA ACAAATATC TGATGAAGAT ATGCAAATGA TGAAGTATAA 300

EP 0 786 519 A2

	GTTAATCAAA TAACGACCAA CGCCACATAA GATGCGTAAC ACCAAATTAT ATCTTATGTG	420
	GCGTTGTTAT ATTTAAATCT ATAATTATGT TCAATTTAAA CATGCAATAA TGATTAAAAA	480
5	ATATGACATG TTAAACACAA TGTAAGCTAT TATGATGTGA AAATAGTAGC ATTGCATTTT	540
	AGAAACATAG AGCGATATAA TGAATATAAG TTTTITGAAA TTTCAGTTAA TTCTAAGGAG	600
	GTTGTTTTTA TTATGAAAGA ACAACTTAAT CAACTATCAG CATATCAGCC TGGTTTATCT	660
10	CCAAGGgCAT TGAAAGAAAA GTATGGCATT GAAGGAGATT TATATAAACT TGCATCAAAT	720
	GAAAAATTTGT ATGGACCATC GCCTAAAGTT AAAGAAGCGA TATCAGCACA CTTAGATGAG	780
15	TTATATTATT ATCCTGAAAC AGGATCACCG ACATTAAAAG CGGCGATTAG TAAACATTTA	840
	AATGTAGATC AATCACGCAT TTTATTTGGT GCGGGATTAG ATGAAGTTAT ATTAATGATT	900
	TCTAGAGCTG TATTAAACGCC AGGGGATACT ATTGTTACAA GTGAAGCGAC ATTCGGTCAA	960
20	TATTATCACA ATGCGATTGT TGAATCAGCT AATGTGATAC AAGTACCTTT AAAAGATGGT	1020
	GGCTTCGATT TAGAAGGTAT TTTAAAAGAA GTTAATGAAG ATACGTCATT GGTATGGTTA	1080
	TGTAATCCAA ATAATCCTAC AGGTACATAT TTTAATCATG AGAGCTTAGA TTCGTTTTTA	1140
25	TCTCAAGTAC CTCCACATGT ACCAGTAATT ATAGATGAAG CTTATTTTGA ATTTGTGACA	1200
	GCAGAGGACT ACCCGGATAC ACTTGCTTTG CAACAAAAAT ATGACAATGC TTTCTTATTA	1260
	CGTACATTTT CAAAGGCGTA TGGATTAGCG GGTTTACGTG TAGGATATGT GGTAGCAAGT	1320
30	GAACATGCGA TTGAAAAATG GAACATCATT AGACCACCAT TTAATGTGAC ACGTATATCT	1380
	GAATACGCAG CAGTTGCAGC ACTTGAAGAT CAACAATATT TAAAAGAGGT AACACATAAA	1440
	AATAGTGTG AAGCGGAAAG ATTTTATCAA TTACCTCAA GTGAGTATTT CTTGCCAAGT	1500
35	CAAACGAATT TTATATTTGT AAAAACmAAG CGGGTAAATG AACTTTTATGA AGCACTTTTA	1560
	AATGTAGGGT GTATTACGCG ACCATTTCCT ACTGGTGTTA GAATTACAAT TGGTTTTAAA	1620
40	GAACAAAATG ATAAAATGTT AGAAGTTTTA TCAAACTTTA AATACGAATA GTAAGTGGGG	1680
	AGTGGGACAG AAATGATATT TTCGCAAAT TTATTTCTcC GTCCCACCCC AACTTGcATT	1740
	GTCTGTAGAA ATTGGGAATC CAATTTCTcT TTGTTGGGGC CCCGCCGGCA AGGTTGACTA	1800
45	GAATTGAAAA AAGCTTGTTA CAAGCGCATT TTCGTTCACT CAACTACTGC CAATATAACT	1860
	TTGTAGAGCA TTGAACATTG ATTTATGTCT CAAGCTCAAT GCAGTGTGAA TGATGAGGTG	1920
	AGAGTATTCA GTGTAAAAAG CAACAATAGA TGATATTGTT TTGTATCAAT TGCTTTTTTG	1980
50	CTATACTGAA TCAATACTGA TATTTTCAGG AGAAGATTAA AATGACCCGT AAATCAATCG	2040
	CGATTGATAT GGATGAAGTA TTGGCAGATA CATTAGGAGA AATCATTGAT GCTGTCAATT	2100

55

EP 0 786 519 A2

	TTCCTGAACA	TGATGGATTA	ATTACAGAAG	TATTGAGAGA	ACCAGGCTTC	TTCAGACATC	2220
	TTAAAGTGAT	GCCGTATGCA	CAAGAAGTTG	TGAAAAAATT	AACTGAACAT	TATGATGTAT	2280
5	ATATTGCTAC	AGCAGCAATG	GATGTACCAA	CATCATTTAG	TGATAAATAT	GAATGGTTAC	2340
	TAGAGTTCTT	TCCATTTTTA	GATCCTCAGC	ATTTTGTTTT	TTGTGGTAGA	AAAAACATCG	2400
	TTAAAGCTGA	TTATTTAATA	GATGACAATC	CTAGACAGCT	TGAAATTTTT	ACTGGTACAC	2460
10	CGATTATGTT	TACAGCAGTG	CATAATATTA	ATGATGATCG	ATTTGAACGC	GTAAATAGCT	2520
	GGAAAGATGT	AGAACAGTAT	TTTTTAGATA	ATATTGAGAA	ATAAAATATA	TCACTTGAAA	2580
15	AATTTTCATGT	AGAAAAGATG	ATGGATAGGC	TATAAAGTAA	TTGTGACTGA	GATGAACTTT	2640
	TATGTCTTAG	ACACTACAAC	ACTATATTGG	CAGTAGTTGA	CTGCGGGGCC	CCAACATAGA	2700
	GAAATTGGAT	TCCCAATTTT	TACAGACAAT	GCAAGTTGGG	GTGGsCCCCA	ACATAAAGAA	2760
20	ATACTTTTTT	TTTAGAAATT	AGTATTTCTT	ATGCATGAGT	GTAACATCATG	CATTCATATT	2820
	TTTAAGTACA	CATTAGCTGT	GACTAATGAT	AAAGAATCGC	TACATAATCA	ATCATTAGTC	2880
	GTTCTTTATC	ATTTCCGTCC	CGCTCTCAAT	AAATGTTAGT	CTATCTTATT	ATTATAAATC	2940
25	GGATGAATGT	GTTAATCTAT	GGCAGATTAC	ACGTCATCCG	ATTTTTTATA	GAATTTGAAA	3000
	AAGACGCATA	AACCACTATG	ATTTAAAATA	CAACATCAAT	CATTTTAGTG	gCATGCGCCA	3060
	AAATTATATG	TCTGTTTTTG	AAACAGGGTA	ATAGCTTAAA	GCTAATAAAA	ACGAATATAA	3120
30	GGTGCGTTGA	ATCTTATGAT	TACACTCCAA	ACCTAATATA	ATATCGGGTT	AAGATCATTC	3180
	CGGATGCTTA	CAAATCATTG	ACAGTAAGTA	ACTGAATGGC	ATTTGGTATA	ACCTCAATAT	3240
	CAATAGGTGT	TTCTAATGAA	ATTTGCCCAT	CAATATCAAC	TTTCATTGCT	GGATCTGTTG	3300
35	TAAGTGAAAT	CTTTTTACCA	GGTATATGCT	CAATACCTTG	AGTAATTTCA	TTCCaATTCA	3360
	TGCTATCACG	CTTTTTAAAA	ATATCATTTA	AAATACTGAA	ACTTTGTTCA	TTAAAAATGA	3420
40	AAGTGTTTCA	TTCACCATCT	TGAGGAGACA	AATCAGTCaA	TGGTATACGA	CTACCACCAA	3480
	TGAATGGACC	ATTTGCTGTT	AGTATCATGG	TCGTTTCGCC	AGAATATGTC	TTATCATCTA	3540
	TTGATAATTG	ATAATTAAAT	TGTGTTGGAT	TTAGCAGTGT	TTTGACAGTT	GATCCAATAT	3600
45	AACTCAATTT	ACCAAATATA	TCTTTTGAAC	CATCTTGTAC	GTTTTCAGCG	TTTGAACAA	3660
	TGAGACCTAA	GCCAACAAAG	TTGAGTGCAAT	ATTGATTATT	TATTTTAATT	ACATCGTATG	3720
	TACCAACTTG	TGCAGAAATC	ATTTGTTTCA	TAGCTTGTTC	ATGATTAGGT	GCTATATTTA	3780
50	GCGTTTTTGT	AAAATCATT	AAAGTACCGC	CTGGTAAAAT	GCCAATAGGG	AGTTGAAGGT	3840
	CATGTGTCAT	AACACCGTTT	ATAAGTTCGT	TAACCGTGCC	ATCACCGCCA	AGAATAAATA	3900

55

EP 0 786 519 A2

	CACCTTCGTT T TCACTCAAT TGAATAGAAA GATGCTTACA AATTGAACTT AATGCTGTTG	4020
	TAACCTCCCC AATACCTTGA TTAATATTTT TTAATCCACT GTGTTTCATGG TAAAAGAGGA	4080
5	CACCATGTGT ATATTATTTT TCCATAGTTT AGCCTACTTT CTAAAAATTG GTTCATTAAA	4140
	TATATATACC CACTTTTAAT TGTTAATACC AAAAATATGT TTTTAAATAG AGAAAATGGT	4200
	AATAAATGAA ATTGATTTCT ATAGAGTGGG ACGAGAAAAT ATAGTTATAG CTGTCTATAA	4260
10	TGAGCATATT AAGTTTTTAT TTATACTGAT ATCTTGAATT TAATTAATAG AAACCTATAA	4320
	AAAAACAGTA AGCCATTTAA ATGACTTACT GTTTTTTGAA TTAGGCCAAC AATATTAACG	4380
	TATACCTTTC ATCGCTTTGA TGATTAAAGG TGAGAATGCT AATACAATTG TTGTAACAAT	4440
15	AATTGCAACA ACACCTAGGA AAATAAAGTA ATTTGTTTGA CCTAGTGGTT CTATTAACCT	4500
	AACTAAAGTA CCATTGATTG CTGTGTCAGA AGCGTTAGTT AAGTACCAA TACTCATCAT	4560
20	TTGGGCATTA AATGCTTTAG GTGCTAACTT AACAGCAGCA CTATTACCCG TTGGTGATAA	4620
	GCATAGCTCA CCGATAACAC AAATAATGTA CGATAAAATA ACCCAGTTAA CTGAAAAGTT	4680
	TGATGAACCT GATGCATAAC CTACAATACC AATTAGTATG TATGACGCAC CTGCTAAGAA	4740
25	CGTACCAATT GCAAATTTTA CTGGCAGGCT AGGTTGTTTA GTTCCAAGCT TTTGCCATAA	4800
	AAGTGAAATA ATTGGAGCTA GTAATAAAAT AAATAATGGG TTAATTGATT GGAAGATCGC	4860
	TTACCAAAG TTTGTTTTCC AACCAAATAA GTTTAATTTT ATATCTGAAT GTTCAATTCC	4920
30	ATATATGTTT AATACATTAG ACCCTTGTTT TTGAATAGCC CAGAACACCA TTCCAAGAAT	4980
	AAATAATGGA ATAAATGCTT TAACACGAGA ACGTTCAGTA TCAGTGACAT CTTTACTTCT	5040
	AATAATTAAA GTGAAGTAAA TGAAATGGTAA TGCAATACCT AATACTAAAA CAGTATTACT	5100
35	AACTAAGTTA AATGATAATG AGTTAGTTAA TGCACCAATA ACGATAATTA ATACAATTGC	5160
	TAAACAACA CTTCCGATAA TAAGACCATA CTTTTCTTTT TCAGCTGGTG TCAATGGGTT	5220
40	AGTAGGTTTC ATACCAACGC TACCTAAGTT TTTGCGGTTG AAAAGTACAT ACCATACTAA	5280
	ACCTAATGCC ATACCAACTG CTGCAATCAA GAATCCGCCG TGAAGTTTTT TAACATTAAAC	5340
	AAAGTGTTGC AAAATAATAG GTGATAATAA TGCACCCATA TTAAGTGACA TATAGAAAAT	5400
45	AACAAAACCT GCATCCATAC GTCTATCATT TTCAGGATAT AAACGGCCAA CGATATTGTA	5460
	AATGTTTGGC TTCATTAAAC CTGAACCAAT AATGATGAAG AACATTGATG TGAATAAGCC	5520
	GATTAATGCA AATGGTAAGC TTAACCAAAT ATGTCCGATA ATAATAAAGA CTGCACCTAA	5580
50	TAAAGTAGCG CCTCTAGTGC CTGTAATTCT GTCAGCAATC CATCCGCCTG GTATTGATGT	5640
	CATATAGATT AATGAACCAT AACTGACAT AATTGACATA GCTGTTGTTT TATCAATTCC	5700

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 191:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 14078 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 191:

	TGGACTATTA ACGGCGaAGA AGATTTAACG AAATACTTAC AAACCAATGT TGATGGTATT	60
	ATCACAGATG ACCCAGCATT AGCTGATCAG ATTAAAGAAG AAAAGAAAGA CGAAACATAC	120
15	TTCGATCGTT CTATAAGAAT TTTGTTTGAA TAATATAAAC AAAGACCTCT AAAGTTATCA	180
	AGATGATACC TTCAGAGGTC TTTTAAATGT TGCCATCTAT GGGATAGGCA ATCGTTTCAT	240
20	TCGTTTATAT TCATATGACA AGTATTTGTA TGGCAATTTG GCGTCACAAA CACTTACATG	300
	ATTTATTTGGT GAATTATTAA TTGTTTTGTG AATGCAAAGG GTTAGAAATT GAATTGTAAG	360
	TACTTTCTAA TCTTTGTTTC GCTTTAGTCA TTTGATCCAA ATTTTGTAGT CGTATAGCGG	420
25	ATTTTGCAAT ATAGTGCACA cTAAATATC GCGTTTTTGA AACGCATCTA AATTAGGTA	480
	CGATAATTTA TTAAAGTCAG TGTGTGCTAT TAATTCATGT AATTGATCTA CAAGCGCTTG	540
	ATGTTGATAC GTATGTGATG TAGTTTCAGA TTGCTTGCT AATTTAATAC CAGTCGTATC	600
30	AAGGAGCGCC GCTTTAATAC CAGCAACTAA ATATGTTTTG ATTTTCATTT GTGTGTGCAT	660
	GCTTTGTTAC TCCTTTGATG TACATTAATC AAAAAAATTA TACACTATTG TATATTGCAA	720
	AGCTAATTAA CTATAACAAA AAGATAGTTA ATGCTTTGTT TATTCTAGTT AATATATAGT	780
35	TAATGTCTTT TAATATTTTG TTTCTTTAAT GTAGATTGGG CAATTACATT TTGGAGGAAT	840
	TAAAAAATTA TGA AAAAGCA AATAATTTTCG CTAGGCGCAT TAGCAGTTGC ATCTAGCTTA	900
40	TTTACATGGG ATAACAAAGC AGATGCGATA GTAACAAAGG ATTATAGTGG GAAATCACAA	960
	GTTAATGCTG GGAGTAAAAA TGGGACATTA ATAGATAGCA GATATTTAAA TTCAGCTCTA	1020
	TATTATTTGG AAGACTATAT AATTTATGCT ATAGGATTAA CTAATAAATA TGAATATGGA	1080
45	GATAATATTT ATAAAGAAGC TAAAGATAGG TTGTTGGAAA AGGTATTAAG GGAAGATCAA	1140
	TATCTTTTGG AGAGAAAAGAA ATCTCAATAT GAAGATTATA AACAAATGGTA TGCAAATTAT	1200
	AAAAAAGAAA ATCCTCGTAC AGATTTAAAA ATGGCTAATT TTCATAAATA TAATTTAGAA	1260
50	GAACTTTCGA TGAAAGAATA CAATGAACTA CAGGATGCAT TAAAGAGAGC ACTGGATGAT	1320
	TTTCACAGAG AAGTTAAAGA TATTAAGGAT AAGAATTCAG ACTTGAAAAC TTTTAAATGCA	1380

EP 0 786 519 A2

	GTTGTATCAT ATTATGGTGA TAAGGATTAT GGGGAGCACG CGAAAGAGTT ACGAGCAAAA	1500
	CTGGACTTAA TCCTTGGAGA TACAGACAAT CCACATAAAA TTACAAATGA ACGTATTAAA	1560
5	AAAGAAATGA TTGATGACTT AAATTCAATT ATTGATGATT TCTTTATGGA AACTAAACAA	1620
	AATAGACCGA AATCTATAAC GAAATATAAT CCTACAACAC ATAACTATAA AACAAATAGT	1680
	GATAATAAAC CTAATTTTGA TAAATTAGTT GAAGAAACGA AAAAAGCAGT TAAAGAAGCA	1740
10	GATGATTCTT GGAAAAAGAA AACTGTCAAA AAATACGGAG AACTGAAAC AAAATCGCCA	1800
	GTAGTAAAAG AAGAGAAGAA AGTTGAAGAA CCTCAAGCAC CTAAAGTTGA TAACCAACAA	1860
	GAGGTTAAAA CTACGGCTGG TAAAGCTGAA GAAACAACAC AACCAGTTGC ACAACCATTA	1920
15	GTTAAAAATC CACAGGGCAC AATTACAGGT GAAATTGTAA AAGGTCCGGA ATATCCAACG	1980
	ATGGAATAA AAACGGTACA AGGTGAAATC GTTCAAGGTC CCGATTTTCT AACAAATGAA	2040
20	CAAAGCGGCC CATCATTAAAG CAATAATTAT ACAAAACCCAC CGTTAACGAA CCCTATTTTA	2100
	GAAGGTCTTG AAGGTAGCTC ATCTAAACTT GAAATAAAAC CACAAGGTAC TGAATCAACG	2160
	TTAAAAGGTA CTCAAGGAGA ATCAAGTGAT ATTGAAGTTA AACCTCAAGC AACTGAAACA	2220
25	ACAGAAGCTT CTCAATATGG TCCGAGACCG CAATTTAACA AAACACCTAA ATATGTTAAA	2280
	TATAGAGATG CTGGTACAGG TATCCGTGAA TACAACGATG GAACATTTGG ATATGAAGCG	2340
	AGACCAAGAT TCAATAAGCC ATCAGAAACA AATGCATATA ACGTAACAAC ACATGCAAAAT	2400
30	GGTCAAGTAT CATACGGAGC TCGTCCGACA TACAAGAAGC CAAGCGAAAC GAATGCATAC	2460
	AATGTAACAA CACATGCAAA CGGCCAAGTA TCATACGGAG CTCGTCCGAC ACAAACAAG	2520
	CCAAGCAAAA CAAACGCATA TAACGTAACA ACACATGGAA ACGGCCAAGT ATCATATGGC	2580
35	GCTCGCCCAA CACAAAACAA GCCAAGCAAA ACAAATGCAT ACAACGTAAC AACACATGCA	2640
	AACCGTCAAG TGTCATACGG AGCTCGCCCG ACATACAAGA AGCCAAGTAA AACAAATGCA	2700
	TACAATGTAA CAACACATGC AGATGGTACT GCGACATATG GGCCTAGAGT AACAAAATAA	2760
40	GTTTGTAAC TATCCAAAG ACATACAGTC AATACAAAAC ATTACGTATC TTTACAACAG	2820
	TAATCATGCA TTCTATGATG CTTCTAACTG AATTAAAGCA TCGAACAATC GGAAGCATAT	2880
45	TTCTAAATTA TTTATTCAAT ATAGTCTTAA ACATAACATG ACCTAATATA TTAATAACCT	2940
	ATTAAAATAA ACCACGCACA TCTAAGTGAT ATACGACAAT CACAGCAATA ATAATTGCTT	3000
	TAGAAAGTCG TGCCGAACTG GAACTTACAA GTCTAGTTCG AACACACACT GATGTGAGTG	3060
50	GTTTCTTTA TTTTAAACAT GAACAATCAG ATAAGTTACT AGCATTAGCA AATATTATTA	3120
	AATCAAAGGG CTTGATTCA TAAAATTAA AACAAATGATT AAAATTAGAC GTGTAAATGT	3180

55

EP 0 786 519 A2

	TATTTACAC	AGCTTCATTA	ATAAAACGAA	ATTGCTTCAA	CCCGCTTCAA	CTTCAACTGG	3300
	CTTCAACTTC	AGCCTACTTC	ATTCAATAAC	AAAACGAATC	CGCTTCATCC	AAAATCAACC	3360
5	ATTCTAACGC	ACATATTCAA	ATATAGCAGC	TGCACCCATG	CCGACACCAA	TACACATCGT	3420
	AACCATGCCG	TAACGGCTAT	CGGGACGTCT	ACCCATTTC	TTAAGTAAAC	GCGCGGTTAA	3480
	CATTGCGCCT	GTAGCACCTA	ATGGATGACC	TAAAGCAATA	GCGCCACCAT	TCACATTCGT	3540
10	ACGTGATATA	TCTAGACCTA	CTTCTTTAAT	AGATGCAATC	GTTTGAGAAG	CAAATGCTTC	3600
	GTTCAATTTC	ATCAAATCAA	TGTCTTCAAC	AGATAGATTG	CTGAGTGACA	ATACTTCAGG	3660
	AATCGCATAT	GCAGGCCCAA	TACCCATAAT	TTTCGGGTCA	ACGCCTACTG	CCTTAAAACC	3720
15	AACGAATCGT	GCAATAGGTG	TCACGCCGAG	TTCTTTCACT	TTATCTCCAG	ACATTAAAAC	3780
	TACAAATCCT	GCACCATCAG	AAAGTGGGGC	AGATGTTCTT	GCAGTCATAG	TGCCGTCAGC	3840
20	TTTAAATACT	GTACGTAATT	TGGCTAATGC	CTCCATCGTG	GTGTCAGGGC	GTATAAATTC	3900
	ATCTTGGTCA	AAGATATTTG	TGTGTACTTT	TGGTCTGCG	TTTGATATTT	CAACTGAGTT	3960
	TACTTGTATT	GGAATAATTT	CATCTTTGAA	CCGACCATCA	CGTTGTGCGT	CATAGGCACG	4020
25	TTGATGACTT	CTGACAGCAT	AAGCATCTTG	ATCTTCGCGT	GATACGTCAA	ATTGGGATGC	4080
	TACATTTTCA	GCAGTTAAAC	CCATAGGATA	TGACGCACCT	ATATCATCAT	ATTGTAAGGT	4140
	TGGATTGTTT	GTGGGCTCGT	TGCCACCCAT	TGGTACGGCA	CTCATCAATT	CAACGCCACC	4200
30	AGCTACAAGT	ATATCTCCTT	GACCAGCCAT	AATTTGATTG	GCTGCAATCG	CGATGGTTTG	4260
	TAATCCTGAT	GAGCAGTAGC	GATTCAGTGT	TTGACCCGGT	ACCGTGTGAG	ATAATCCCGC	4320
	ACGCAATGCA	ATCGTTCCGT	CAATGTTTTG	GCCTTGTAAT	CCTTCTGGAA	AAGCCGTACC	4380
35	AACAATGACA	TCTTCAATCA	TATTCTTATT	GAATTTTCCG	TCAATACGTT	TCAATACGCC	4440
	TTGTAATACT	TTGGCTGCGA	CATCATCAGG	TCTTTCGTGG	AATAATGCGC	CTTGCTTTGC	4500
	TTTCGCTGCG	GCTGAACGCC	CATAAGCTAC	AATGTATGCT	TCTTGCAATG	TTATCATCCT	4560
40	CTCTTAATGA	CTATCTTTTA	ATTACGTAAT	GGCTTACCAG	TTTTTAACAT	ATGTGCAATT	4620
	CTTTCATATG	ATTTTTTAGA	TTTTAGTAAG	TCAATAAAGC	CAATTTTCTC	CAACGATTGA	4680
45	ATGTAACGTT	GATTGATAAA	TGTATTTCTT	GGTAAATCAC	CACCCGCTAA	AATTGTGGCG	4740
	ATATTTAAGG	CAATATGATA	ATCATGGTCG	CTAATAAAAT	GACCCCGTCT	TTGCGCATCT	4800
	AATTGTCCTT	GGATCAATGC	TTTGAAGTCT	TCACCTAAAG	CGATATATTG	ATGTCTAGGA	4860
50	TTCGGAATAT	AGTTTGTTTC	TGCTTCATAT	TTGCGACGTT	TGAGCGCAAC	TTGACACGTT	4920
	TGTGCTGTAT	TGAAAATAAT	CGTATCTGTA	TCACGTAAAT	AACCATAACG	ACGTGCCTCA	4980

55

EP 0 786 519 A2

	TGTTTGTTCAT CAAACTTATG CGATGTGCGT AATATGCGAT CAGCCATTTC TGCAAGGCCA	5100
	CCGCCACTCG GTAATAAGCC AACACCTGCT TCAACAAGAC CGATATATGT TTCACTTGCA	5160
5	GCGACAACAA TAGGTGAGTA AAGTACAAGC TCACAGCCAC CGCCTAAGGC ACGACCTTGA	5220
	ACAGCTGTGA CTACTGGTTT CAAACTATAC TTCAAACGAT TAAAGCTATA ATGTAATTTA	5280
	TCAATTGATT GTGCAACGAC ATCATCTACA AGACCGTCTT CATGCGCCTT TTTCATTAAG	5340
10	AAAAGGTTAG CACCCACACT GAAATTGTTA CCATCTGCAT AAATAACCAT ACTTGTGTAA	5400
	TGGTCATTTT CCGATAAATC AATCGCATCA ACTAAGCAT CGTTGAATTC ATCGGTAATG	5460
	ACATTATTTT TACTTTGTAA TTTAGTAAC AGTTGATCAT CATGAGTTAC GGAAAGTTTG	5520
15	GCATCACCTT TATCCCAAAG TTCATCTTTT ACGAAGTGAG AAATAGGTGT TGCATATTCA	5580
	ATGGTCTCAT CTTGTTTATA AAAGCCACCA TCTAAATCAC TAATCCATTG TGGTAAGTCT	5640
	CCAAGTTCGT CTTCCATACG TGTTTTAACA CGTTCGTATC CCATTGCATC CCATAATTGG	5700
20	AATGGACCAA GTTTCCAGTT GAACCCCCAG ACAAGCGCAC GGTCTATGTC TCGGAAATCA	5760
	TCGGTAGCTT TAGGTACATT GATAGCAGAG TAATAGAAAT TATTACGTAA TGTCTCCCAT	5820
25	AAAAATAGTC CCGCTTCGTC TTGCGCATTG AATATGGTAT CAAGGTTATG CACTAAGTCT	5880
	TTATTAAATT CATTTAAAT TGGTAATTGT GGTGCGATA CAGGTACATA ATCTTGTTTT	5940
	TCAACATCGT AAACAAGTCG AGCTTTAGTT TCTTTATCCT TTTTGTAATA TCCTTGTTTC	6000
30	GTTTTACGTC CGAGTGCGCC ATTGTCAAAC AACGTATTTA CAATTTTGAC ATCATGAAAA	6060
	TAAGGTGTTT CTTCAGGTAC TTGTTGCATG CCTTTAATTA CAGACACTGC AATATCTAAA	6120
	CCGACTAGGT CAGATAGCGC ATATGTACCT GTTTTAGGAC GACCAATCGC TTGCCAGTT	6180
35	AAAGCATCCA CATCTACAAT GCTTATCTTG TGTGCTCGG CGCGATACAT AATATCATTC	6240
	ATTGTTTGCG TGCCGACTCT ATTTGCGACA AAGCCAGGCA CATCATTGAC GACAATGACA	6300
	CCTTTACCTA ACACATTTTG CGCGAAATTT TTTACATCTA ATATAATAGA TTCCTTCGTG	6360
40	TGTGACGTAG GTATTAACCT CACTAATTTT ATAATACGTG GTGGGTTAAA GAAATGTAGA	6420
	CCAAAGAATC GTTCTTGATC CTTCTCGTTA AATGCTTGAG CAATCGCATT AATTGGAATA	6480
45	CCTGATGTAT TTGTAGCGAA TAAAGCATCT TCTTTAGCAT GTTGTAGAAC TTGTTGCCAA	6540
	ACAGCATGCT TAATTTCAAT ATCTTCTTTG ACTGCTTCGA TATATAAATC AGCATCATCA	6600
	TTTACCAAGT CATCATCAAA ATTACCATAT GTTAAATGAC TCGCTAGATT TAAGTCGAAT	6660
50	AGTAGCGGCC GTTCTTATC TGTAATTTTA TCGTAAGATT TTTTCGCAAT GAGATTGGA	6720
	TCGTTTTTGT CCACTACAAT ATCTAATAGT TTTACTTTAA GTCCAGCATT CACAAAAAGT	6780

55

EP 0 786 519 A2

	GTGATTCCTC CAATTTAGTT GAGGATAAGA TAACCATTAA GATAATTGGA ATAACGTTGC	6900
	TATTTTATAA AATTAATTAA GTATCTTTGA CAGTCATCTT AGCCTCTTAT TTAAGGAAAA	6960
5	AGCTTTATGC TTAAAATAAG TCTTTTTTAG TGAAATTAAT GCATCTCATA TAATTATTTG	7020
	CTATTTATAC GAAAGCAGAA TCTCCAGTCA AAGCGCGTCC AATTACTAAG GCATTAATTT	7080
	CATGTGTACC TTCGTACGTG TAAATCGCTT CTGCATCAGA GAAGAAACGT GCAATATCAT	7140
10	AATCGTCAGC TAGTATGCCA TTACCACCTG TAATACCGCG GCCCATAGCT ACTGTCTCAC	7200
	GCAAACGTAA GGCATTCATC ATCTTCGCCG TTGAAGTTGC AACCTCGTCA TATTCACCAT	7260
	GTGCTTGCAT ATTAGCTAAT TGAGCACATG TTGCCATTGC TTGAGCTAAA TTACCTTGCA	7320
15	TCATTGCTAG CTTTCTTGT ATTAAGTATG ATTTACTAAT TGGTTTGCCG AATTGCTTAC	7380
	GCTCAGTGAC ATAATCTAAT GTGGCACGTA AAGCGCCAGC CATACCACCT GTAGCCATAT	7440
	AAGCAACGCC TGCTCTCGTT GAATAAAGAA TTTTGGCAAT ATCTTTAAAG CTTGTTATGT	7500
20	TTTGTAAGCG ATCCGCTTCA TCTACTTTGA CATTAGTTAA TTTAATTAGG GCGTTAGGAA	7560
	CAATGCGAAG TGCGATTTTA TTATCAATGA CTTCAATATC GACGCCATCT TGTCTGGTC	7620
25	TGACTACAAA GCAATGGGGT TTGCCAGTTT CTTTATTTAC TGCGAATACT GGAATGACAT	7680
	CAGATACATG TGCACCACCA ATCCATTTCT TTTACCATT GATAACCCAA GTATCGCCTT	7740
	GGCGTTCAGC GACTGTTTCA AGACCTCCCG CAACGTCCGA ACCGTGTTCT GGTTCAGTTA	7800
30	AAGCAAAGCA TGTACGCAGT TCATGTGACT GTAATTTAGG TACATATTTT GCAATTTGTT	7860
	CTTTGCTACC TCCGAAATAG AAAGTGTTAT GCCCTAAACC TTGGTGAACA CCGAGTAGGG	7920
	TAGCTAAGGA AATATCAAAT CGCGCGAGTA GGTAAGACAT GAAAACTGA AATAGTTGAC	7980
35	TAGGCATTTT GCGGTTTGGA CGATCCTTGT AAAGTAATGG ATTGTTAAAA TAATTTAATT	8040
	CTCCAGATC TTAAATAG TCCTCGGGTA CAGTAGCGTC TATCCAATGT TGATTAATAT	8100
	TTTCACGGTA CTTACTTTCT AGCAATGAAT CTACTTGTG TAAAAATTCG ACTTCACCGT	8160
40	CTGTTAAACC TTTAGCAATA CTAAGTACAT CTTCAGGAAA TAATGTTTTT AAGACCGTTT	8220
	CTTTTTCAAA TGTCATATAA ATTCCTCCTA AAAATAATAT GAATACTAAT GTGAAATGCA	8280
	TTTAATTCAA AAACAACACG CTTTATTTGT AAACGCTTAC ACTAAATGTC AAAAATTTTT	8340
45	ATCACCTTTA AAGTGTGTTG GAGACTTTGT CATTATCAT TTGTCGAATC GCAAGTTTAT	8400
	CTGGTTTCTG CGTACTGTTT AACGGCATAT GTGTCACTGG TACATACATT CTTGGGACTT	8460
50	TATAACCTGC TAAACGACTT CGCATATGTT GATTTAAAT TTCAGCGTAA TGAGGTTTAT	8520
	CTTCGCGAAG TATAATGGCT GCAGCAATTG ATTCACCATA TTTTGGATGA TCATAGCCAA	8580

55

EP 0 786 519 A2

	AGACATTTTC GCCACCAGTT ATGATTAATT CTTTTTTGCG GTCAATAATA AATATATCGC	8700
	CATCGTTGTC CATCTTCGCT AAGTCACCAG TTAATAAATA TCGACCATGA AATGCTTTGG	8760
5	CAGTCTCTGC TGGTTTATTC CAATATCCTG GCGTGACATT TTTAGCCTTA ATTGCAAGTT	8820
	CGCCAATCTC ACCAGTAGGT ACTTCCTCAC CGTTATCATC AAGGATACGT GCATCAACGA	8880
	ACATGACTGC TTTACCAATA CTCATTGGCT TACGTTTTGA ATTTTCCGGT GTATTAAACAA	8940
10	GTACAAGAGG TGCTTCAGTT AAACCATAGC CGTTAATAAT GTTTATGCCA TATTGTTTAA	9000
	AAGCTGCTTG GATACTTGGT AATGGTTGTG AACCACCTTG GATGATATAA TCCATAGCTC	9060
	TAAAATTTTC AGGATTAAAA TTAGTAGCAC GTAGCGTACT ATAATACATT GTCGGAATCA	9120
15	TGATAATAAA TGTAGGGTGA TATTGTGCAA TCATGTCATT CAATTCTTCG CCGTTAAAGT	9180
	AACGTTGAAG AATAAGTGTG CCACCTGACA TTAATACTGG TAATACAGTA TCGTTAAACC	9240
20	CTAAAACATG GAACATTGGT GTTGATACAA TCGTAATATA GTTTGAATTG AACTTATACG	9300
	TCAGCTCTAA GTTTCACCG TTATGAACAA ATGATTCATA TGAGAACATC ACACCTTAG	9360
	GTGATCCGGT TGTACCACTT GTATAAATTA ATGCTGCAAG ATCTTGTTGGT TCAACAGGTG	9420
25	TTGCTTGAAA AGGTTGGTGA TAATCTGGAT TTACGATTTT ATCATATTGC GCCACATCAA	9480
	TATCCATATG CAATAAGTTT TGGTCAATAT CGGTGAGTGA ACTTAAATGT TTTTCAGCAT	9540
	AGAAGAGCAG TTTTAATGTG GCATCTTCCA CAATGGCTGC AATTTCTTTT GGGTTAAGCC	9600
30	GCCAATTCAA TGGTAAAAAA ACCGCACCTG TTTTAAACA AGCAAACAAT AAATCTAATA	9660
	TTGCAATATC ATTTGGCGCA AAAATACCGA TAACATCGCC TTTTTTAACA CCTTGAGATG	9720
	TTAAATAATG TGCCATATTA TCAGCGCGTG CATTGAGTTG TTGGTATGTC CAAGATGTTT	9780
35	GTTTTGCGTG ATCAATAACG GCAGGCTTGT CATCATCGAA GTCTGAACGC GTTTTTATCC	9840
	AATCGAAATT CATTAGTATA CCCCCTTAG CTTCACCTTC ATACTTTATG AATTGATTGT	9900
40	TTAAGTTGTC CCCATTTTTC TTTGTAAATG CTGGTATCAA TTAATTTTAA ATGATCAGCA	9960
	ATAATTGGTT TAAAAGCCAT TTGATTCAAA ATATCTTTAT GCAAATCAAG ACCTGGTGCA	10020
	ATTTCAATTA GTTTCAAGCC TTGATTGGTG AGTTCGAATA CTGCACGATC AGTAACAAAA	10080
45	TAGATTTCTT GCTCGAGTGA TTGTGAATAT TGTGCATTAA AGTCGATATG GCTCACATCT	10140
	GATACAAATT TCTGGTTTTG TCCTTCAGTT TCAATGTTTA ATCGTTGATT ATGGCATGAG	10200
	ACATGACTGC CAGCTACAAA AGTACCTGAA AAGATAATTT TATTTACAGA TTGCGTAATG	10260
50	TCTATAAAGC CACCACATCC ATTTAGTCGG TCATTGAAGT AAGACACGTT GACATTGCCG	10320
	TATTGATCAA CCTCAGCAA GCTAAGATAG GCAACTGATA CACCATGTT ATAAATAAAA	10380

55

EP 0 786 519 A2

	CGACTCCCAA CGAATCCACC GAAAATGCCA ACATCTAAAA TCGGTTGCAC ATCATGTTCA	10500
	ACACATTCTT CATGCAATAA ATTAGAGAGT TCATTATTGA TGCCATAACC GATGCTAATT	10560
5	GTATCGCCAT AAGTTAAAA CTGAGCAGCA CGTCGGAGAA TCAATTTGCG ACTATTAAAA	10620
	GGTAATGCGG GTTCAGGTAT TCCATCAATT CGTTCTTCTC CAGACAAGGC TGGTAAATAA	10680
	TGACTTTGAA TTACTTGGCG GTGATTCTTT TCATCTTCTG TGACGTATAC ATAATCGACA	10740
10	AGATTTCCCTG GGATAACAAC TTCATTCGGT TTTAGTTGAT AGTCGTCAAC TAAAGCTTTA	10800
	ACTTGTACAA TAACTTTCCC ATGATTGGCT TTCGCGTTTA ATGCGACATG ATAACACTCG	10860
15	CTCAAGTACG CTTCTTGAGT TAAATAAATG TTACCTTGTT GATCTGCGTA TGTTCCTCTC	10920
	AGTAGTGCCA CATCAACGCT AGGGAATGTG TAATGTAAGT ATGTTTCATC GTTGATGGTT	10980
	ACTAATGAAA CTAAATCATC CGTTGTTCTG GTATTTACTT TACCGCCACC GTATCTAGGA	11040
20	TCAACAGCTG TGTTTAATCC GATTTTAGTA ATAACTCCAG GTAATAATTG ATTACTCTGA	11100
	CGATAATGAG TTGCAATGAT ACCTTGTTGGT AAAAAATAAG CTTCAATGTC ATTATTTTTC	11160
	ATTGcTTGTG CCGTTTTGGA AGAAGCCGTT AAAATACTCA TAATGACACG TTTAATCATG	11220
25	CGACGTTCTA TAAATCATC TAAATCCGGT GCGGCACCTA AACTATGAAT ATCATTCGCT	11280
	AATATAAACG TTAAATCATT GGGCGTATGA TATGTGTCAT GTTGCGCTAA CACAGCACGT	11340
	AGAACTTCGG CGGGTAAGTT GGCTACAGCT AATGCTGGTA AACCAATCAC ATCACCATCT	11400
30	TTAATGATAT GTTGTAAGTC GTGCCATGTG ATTTGTTTCA AGCAAGTCAC CTCCATCACA	11460
	TTTGATAAAA TATAGCGTTT TTACACTTTG TGTAACCCT TaCAAGAAAT ATAACATAAC	11520
	GACGTTTAAA ATCAATTAGA AATATCTTTT TATTCTGATA ATAGACACAG TATAGACACA	11580
35	TTTTGATGGT CGATAACAAT TGTAATATCA AGGGTTTGTA ATGAATTGAA TATCATTAAG	11640
	ATACCTATAT AAAAATATTG TTCGGAATAT AAAAAGTTAA ATAGGTTTGT ATTTTAAAT	11700
	ATGAAATACA AAGTGCCCAA TCGAACAAAG TATTTATATT AAAATATGGA AAATCCATCA	11760
40	ATATTAAATT AAAATAGTTT TATTATGAAA AGTGAAAGTA GGTAAGTCTA TGGAAGGTCT	11820
	TAATCATCGA AGAAATACAG AAAAAGAAGA GACAACACAA ACGCAATCaG TTGCACCTAA	11880
45	TACAGGTGAA GAGGGGATGT CATCAGCAAG TACACAATCA ACTAAGACGT CCGACATACA	11940
	TAATGAATCT ATCGATAAAC AAATGGAAGC TAAAGCGCAT GAAACAGCGC AAAATACAGA	12000
	TTTAAAAAAC GAAGCAAGAA GTTTATTTGA TAATGCAACC AAATCAATCG GTAGACTAGC	12060
50	GGGCAATGAT GAAAGCTTAA ATCTTAATTT AAAAGATATG CTTTCTGAAG TATTTAAGCC	12120
	GCATACTAAA AACGAAGCAG ATGAAATATT TATAGCGGGT ACTGCTAAAA CTACGCCAGC	12180

55

EP 0 786 519 A2

	TTTCACAGTA ACATTTATTG GATTATGGGT CATGGCAGCA ATTTTAAATA AACTAACGC	12300
	GATTCGGGT CTCATTTTTA TAGGGGCTTT AACAGTACCA TTATCGGGTT TGTTCCTCTT	12360
5	TTATGAATCA AATGCGTTA AAAATATTAG CATTTTGA GTTATTATCA TGTTCCTTAT	12420
	TGGCGGCGTA TTTTCATTAC TAAGTACGAT GGTATTATAT AGATTTGTCG TTTTATAGTA	12480
	TCAATTCGAA AGGTTTGGT CTTTAACATT TTTCGATGCA TTTTATAGTAG GATTAGTTGA	12540
10	AGAAACTGGA AAAGCACTCA TTATTGTTA TTTCGTCAAT AAATTGAAAA CAAATAAGAT	12600
	TTTGAATGGA TTATTAATCG GTGCTGCTAT TGGTGCAGGG TTCGCAGTTT TTGAATCAGC	12660
	AGGTTATATT TTGAATTCG CTTTAGGAGA AAATGTCCCA TTATTAGATA TTGTCTTCAC	12720
15	ACGTGCGTGG ACTGCGATTG GTGGTCATTT AGTTTGGTCA KCGATTGTTG GTGCTGCAAT	12780
	AGTTATTGCG AAAGAACAGC ATGGCTTTGA ATTCAAAGAT ATTTTGTATA AACGCTTTTT	12840
	AATATTCTTT TTATCAGCCG TTGTTTTACA TGGCATTGG GATACATCTT TAACTGTACT	12900
20	TGGCAGTGAT ACGTTGAAAA TATTTATTTT AATCGTTATT GTGTGGATAC TTGTATTCaT	12960
	TTTAAATGGGG GCAGGTTTAA AACAAGTGAA TTTACTGCAG AAAGAATTTA AAGAACAACA	13020
25	GAAAAAAGTA GACGAATAAT AATTAAAGCT TATGTTGCTC ATATGTTTGT GACATAAGCT	13080
	ATTTTATAA TTTGTCTTTA AAAGAGTGGA ATAGGAATAC TTTTGGAGT TAAAAAAGTG	13140
	TTtCACGTTA AACAAATAGT GACAATTAGA TTTATATAAA ATGAACATGA TTCACTGAAA	13200
30	GTATGTAATA ATCATTTTAT TGAAATTCAT CAAACAGAAA TTAATACAAT CATATAAGCA	13260
	AATTAAACCA CGCCATAATC ATATTGGATG ACTTCGGCGT GGTTTTTATA GTTGAAGCAG	13320
	GGCTGAGACA TAAATCAATG TCCCACACTC CCTTATCGTT CAATCGTTGT TCGATAATCG	13380
35	ATTAAATAGA TACCTTCAGG TGTTACTTTA TAATTTTAA CCTTAGAGTT AGCAGCGACT	13440
	ATTGATCGT TGTAAGCAAT ATAAGTGTG GGTACATCTC GACTTGATAA TTTAATAATA	13500
	TCATTAGAAA TATTGTGACG TTCCTTAACA TCTACAGTAT GATTCAATTG ATTAATTAAA	13560
40	TCATCGACGT TGCTATTATT GTAGTCTCCT TTATTAATAG CACCATCTTT TTTATATGCT	13620
	TGATTAAAGA AATAACCTGT ATCTCCACGA GGAATTGTTT CGAAACTATA CATCGTTGCA	13680
45	TCCCATGCAG AACGGTCTTT TAAGTAACCT TCTATGTCAT CAACACTTTT AATGTCGATT	13740
	TCAATATTTG CTTTTTTAGC ATCTGATTGT AATACTTGCG CAATTTTCGA TAGCTCTGGA	13800
	CGACCGTCAT ACGTAATTAA CTTAATTTTT AAAGGGTGTT CTTTGTATA ACCATCTTTA	13860
50	GCTAATAACA TTTTGTCTTG TTCGATATTT TGTTTGGTTA ACTTAGGTTT TTTAATATAT	13920
	GGAATTTTAT CATTAAATGG ACTCGTTGCA GGTTCGCAT AACCTTGATA AATATGATCT	13980

55

TTATTAGTAT GATTATACAT AAGTaAGAAG TTCTAAAn

14078

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 192:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 486 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 192:

15	TGAAACTAA AGTGTCTTA ATGCGTGAAT AAAATTAGTA ATAATTAAGT TCTCATGATA	60
	ATAGGTATTT TTGAAAAATG GAGGAGTCTA TAAATGGGTA AAAAAATGGG TCTAGGTTTA	120
	TCTATTGCAT TGGTTGTTAT TGGTATTGCC GTTGTATGTT TAATGATTTT TTCTAGTCAA	180
20	AAAACGACTT ATTTTGGTTA TATGAATAGT AATACAAATG CAGAAAAAGT TGTCAGTGAA	240
	AAAGATGGAT TAGTCAAACA TAATATCAAA GTAGAACCAT CTAATGATTT CAAGCCGAAA	300
	AAAGGAGACT TTGTAAAATT AGTTTCTAAA GATGATGGGA AGACATTTTA TAAACAAGAG	360
25	ATTGTTAAAC ATGATGACGT CCCACACGGT TTAATGATGA AAATTCACGA CATGCATATG	420
	AATTAATAAA AAAGCATCTA TAACGTAATT TTGAAGAAGT AGAGTTATCT TCTTATGCGT	480
	TTTAGA	486

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 193:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1626 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 193:

40	GAGGTCTATA TACAATTATG GTTGTTCAG TTAAACGAAC TGATGGCTTT ATTACTAAGT	60
	TTAATAGATT AATTGAAAGA CGATTATTAC GTCATTTTCA TAAAAAAGGT TATATCACAT	120
45	GGGAGGAAAA TTGATTGTCT GACATTTTAA AATGTATCGG TTGTGGTGCG CCACTTCAAT	180
	CTGAAGATAA AAATAAACCT GGTTTTGTAC CAGAGCATAA TATGTTTCGT GATGACGTGA	240
	TTTGCAGACG TTGTTTCCGC TTGAAAAATT ATAACGAATT CAAGATGTAG GATTAGAAAG	300
50	TGAAGACTTT TTAAAATTAT TATCAGGACT TCGGATAAAA AAGGGTATTG TCGTCAATGT	360
	CGTGGATGTA TTTGACTTTG AAGGATCATT TATTAATGCA GTTAAACGTA TTGTCCGAAA	420

EP 0 786 519 A2

	TCGAGTTAAA GAATGGTTAA AACGAACAGC AAGAAAATAT GGTTTGGAAG CTGACGATGT	540
	CGTATTAATT TCAGCTGAAA AAGGCTGGGG CATAGACGAC TTATTATCAT CAATTGCGAA	600
5	TATTCGAGAA AATGAAGATG TGTATATTGT AGGGACAACG AATGTTGGGA AATCTACATT	660
	GATTAATAAA CTGATTGAAG CTAGTGTGG TGAAAAAGAT GTAGTAACAA CTTCAAGATT	720
	CCCTGGAACA ACTTTAGATA TGATAGATAT TCCTTTAGAT GAAACATCAT TTATGTATGA	780
10	TACACCAGGT ATTATTCAAG ATCACCAAAT GACGCATTTA GTTAGTGAAA AAGAATTGAA	840
	AATTATTATG CCTAAGAAAG AAATAAAACA ACGCGTATAT CAATTAAATG AGGCGCAGAC	900
	ATTATTCTTC GGCGGTCTAG CGCGCATAGA TTATGTATCA GGTGGTAAAC GTCCGTTAGT	960
15	TTGTTTCTTT TCTAATGACT TGAATATACA TCGTACTAa ACGGAGAAGG CTAATGATTT	1020
	ATGGCGTAAT CAACTTGCGG ATTTATTAAC GCCACCTGGA AATCCACAAA ATTTTGATCT	1080
20	TAATGAGGTA AAGGCTGTTA GACTTGAAAC AGGCAAAGAG AAACGCGATG TTATGATCTC	1140
	TGGTCTAGGC TTTATAACTA TAGGACCAGG GGCTAAAGTA ATCGTTCGTG TTCCTAAAAA	1200
	TGTTGAKGTT GTATTAAGAA ATTCTATTTT ATAAGGTGaT TAAAAAATG AAATTTGcAG	1260
25	TTATAGGAAA TCCTATTTCa CATTCTTGT CGCCCGTTAT GCATAGAGCA AATTTTAATT	1320
	CTTTAGGATT AGATGATACT TATGAAGCTT TAAATATTnc CAATTGAAGA TTTTCATTTA	1380
	ATTAAAGAAA TTATTTCGAA AAAAGAATTa GAAGGCTTTA ATATCACAAT TCCTCATAAA	1440
30	GAACGTATCA TACCGTATTT AGATTATGTT GATGAACAAG CGATTAATGC AGGTGCAGTT	1500
	AACACTGTTT tGATAAAAGA TGGCAAGTGG ATAGGGTATA ATACAGATGG TATTGGTTAT	1560
	GTTAAAGGAT TGCACAGCGT TTAnCCAGAT TTAGAAAATG CATACATTTT AATTTTGGGC	1620
35	GCAGGT	1626

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 194:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 635 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 194:

	AGGGTTAATT GTCGGTTTAA TTGCAATGAA TAAGTTCCAT GTATTAGCTG GCTATAGAGC	60
50	GAAATTCATC TTAATGGTGA TTTTAACTAT GATGGTCTTC GTACTTATTA ATACGTATTT	120
	ACTAAGACAG GTAAAATCTA TCGGTATGTT CTTAATGATT GCTGCATTGG GTCTATACTT	180

55

GTCTTATATC GATAACATGT TCTTCAATTA TTAAATGCA GAGCATCCTA TAGGCTTGTT 300
 GCTAGTAATA TTAACAGTAC TTGTGATTAT TGGCTTTGTA CTGAACATGT TTATAAAACA 360
 5 CTTTAAGAAA GAGAGATTAA TCTAATGTTG ATGAATAGCG TGATTGCTTT AACTTTTTTA 420
 ACAGCATCTA GCAATAATGG CGGACTTAAT ATTGATGTGC AACAAGAAGA GGAAAAGCGA 480
 ATCAATAATG ATTTAAATCA ATATGATACA ACGCTATTTA ATAAAGACAG CAAAGCGGTT 540
 10 AATGATGCGA TTGCTAAGCA GAAAAAGAA CGACAACAAC AAATAAAAAA TGATATGTTT 600
 CAAATCAAG CGAGTCACTC GACTCGCTTG AATGA 635

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 195:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 13715 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 195:

25 CTGAAATGGG TATTATTTGT CTTCTTCATC ATAAAGTAAT AAAGATTGTT CATCATGCG 60
 ACGTTGCCAA TTTTCATTG GCGATCTTG AACGTATAAT AATTGCCTAG TAGCATACGC 120
 TTTGATTGAA ACATACAAGT CATTCTTGA ACTTGCACCT CAATTTCCAC ATTTGAATTT 180
 30 TCTTTTATAT TAATAATTC ATCCAAATTC AGCTCACGTG CTAAGACAGC TCTTGATGCG 240
 CCTCTTTTAC CCCAGTAATT ACATTGAAAA TGATTAGTTA CTAACGTCTC TGCAATCCAA 300
 TGAAGTGGA TTGATTTTC TTGCGCCTTC ACATACATTA CTAAGTCTGG ATCCCCGAAA 360
 35 ATAATTCTGT CAACTCGTAT TTCATGTAAA AAATTAATAT AATCTTCTAC AGCATCTAAA 420
 TGATAATTAT GAAATAATCC ATCACTGCC GCATATACTT TTTTATCGTT TTTGTGAGCT 480
 AATGCGACAG CCTCTGTCAT TTGTTGTCTA TTGAATCCC CTGGAAGTCT TAAACCAAAC 540
 40 TTTTGCTCGC CAATTACAAA AGCATCTGCA CCTAAATCAA TAAGTGTTTC CATATGGCTT 600
 AATGACTTGG GTGTGACAAG TAATTCTGTC ATAGTCATTC TCCTTTAATT GAAATCGCTA 660
 ATCCATCGTC TATATTTAAA AAATCGTTG TATATCCTGG TTGCTTTATT AACCACATCAT 720
 45 TATAATCTTG AACCTTTTAA ACCATTGTG TTACATTTCT CGATCTAACA ATCCCAATAT 780
 CCGATACAAA ACCGTGATAT AAAACATTAT CTGTAATTAC GAGACCTTGG TGCTTTAAAA 840
 50 GTGGTGTATA TATTTCAAAA AATTCTTTG ATTGCGCTTT TGCTGCATCA ATAAATATCA 900
 TATCATAAAC TTTGTCATTT ACATTTTCAA ATTGCTCTAA AGCATTACCT TCAATAATTC 960

EP 0 786 519 A2

	CATTACGCTC TATCGTTGTG ACATGAATGT CATCAGATAT AGAAGCGAAT TGCATAGAAC	1080
	TATAGCCGAT TGCTGTACCA ATTTCTAAAA TATTTTAAAC ATTATTCATA CGAATTAATT	1140
5	GCTTAATTAA ATCTAATGTT AAACGATCTA CAATTGGCAC TTCATTTACC TCGGCAAATT	1200
	CACGCAAAAC TTCGATTGAA CTATTTTGAT GTTGATGTAA ATCTATTAAA TATTTTTTAT	1260
	TTAGGTCATC CATGTTTTAA ACTTCCTTTA TGTAATAA GTCAATATGA TTATGACAAT	1320
10	AAAATAAATC AGCCTTCACA ATTGATTATA ATTTTGCCAA CCAATTAAAT GACTGATTTC	1380
	GTGTTAGACG CAAAGCTATT TTATTTATAG AAGCGAATCA TTCATATAAA ATTTAACTTT	1440
	AGATATTTTA CCATATTTTC AATAAAATTA TAAGCGTTAA TTATTTATAC ATTGCTTGAC	1500
15	TTAAAAAATA CTCTTGCCTC CCCATCTTTA AGGTTAGCAA GAGTAAATC TTTTAAATTA	1560
	TTCTTCCATT TCAGTATTTA CAACTTCTTC AATCATGTCC CATTCTTCAT CAGTTTCGAT	1620
20	TGGTACTAAC TTACCACCGT CACCTGACTC ATCTGGTTCA TTGATCATTG GTACAAGCTC	1680
	AATCATATCG TCTTCATCTG ATTGAGCACC TTCTTCAGCT AAGATAACAT ACTCTTTTTT	1740
	GAATTCAGGA TGATAAAAT CTAAACTTTT TCGGTATAAA ACTTCATTTT CCTCTTCATC	1800
25	GAATAAAGTT AATAATCTT CTTCGTTATT AATTCTAGT TGTGAATCAT GATTATGTTT	1860
	AGTCATAGTA AAATCTCCTT TTAATGTAGT GAATCTAAAT AGCCTTGTA AATAAATACC	1920
	GCTGCCATTT TATCAATCAC TTGTTTTCTT TTTTGTCTTG AAACATCTGC TTCTAATAAT	1980
30	GATCGTTCAG CAGCCATTGT GCTTAATCTT TCATCCCACA TCACAATCTC AATAGAAGGA	2040
	TAAGCTTCTA ATAATTTTTC TTTATATGTT AACGAAGCTT CGCCTCGAAA TCCTATTGAA	2100
	TTATTCATGT TTTTAGGTAG TCCTATTACG ACTGTACCCA CATTATGTTT TTTAATAATG	2160
35	TCTACTAATT GGTCAATACC TAATTCATTA TTTCTTCAT TGATTGGGAG TGTGTCTAAT	2220
	CCTTGTGCCG TCCAACCCAT TATATCACTA ATTGCAATTC CTACCGTTCT ACTACCGACA	2280
	TCGAGTCCTA AAATTTTATG TTGTAACATA AATTATTTAT TTTGCTCTTT TAAATAGTAA	2340
40	GAAACAAGCT CTTCCATAAT AACATCTCTA TCAATATGAC GAATTTGATT TCTTGCTTCA	2400
	TTTTGGCGTG GAATATACGC AGGGTCACCT GATAATAAAT AACCTACAAT TTGGTTTACG	2460
45	GCATTATATC CTCGTTTCATC TAATGTTTGA TAAACATTAT TTAAACATC TCTTACATCT	2520
	TGCGTTGGAA GTTCTTCATA GTCGAATTTT ATTGTTTTAT CAAAGTTTTT CATTTGCGAC	2580
	ACTCCTTTAA TTACAAATAT AACTCACTAT CATCATACAA TATTATGGCT TTAAATTATA	2640
50	GATTTTTAAT GTAATCTTTA ATAAAGCTTA ATGATTTTGA GATATTTTCA GGTGTGTAC	2700
	CGCCACCTTG AGCCATATCT GGACGACCGC CACCTTTACC ACCAACGATT GGTGCCATTT	2760

55

EP 0 786 519 A2

	TCGATACTTT ATCATCAACA TTACTTGCAA GAATGATAAT TGTATCTTGT AGTTTAGATT	2880
	TAAAATCGTC CATTGTCGAG CGAATTGCTT TCGCATTGG TACATCCACT TCAGTAACCA	2940
5	ATACTTTATA GCCATTGATT TCTTCAACTT GATCTTCAAT ATTACCCATT TTAAGTGATG	3000
	TGATTTCCTT GTCACGTTGC TCTAATTGTT TTAATAATGC TTTTCTTCA TCTTGTAATT	3060
	GTGTTAACTT ATCGACTACT TGATCATCAG ATTTCACTTT CAGCTGTGAT TTCATCGTAT	3120
10	TAAATTTCTC TTGAATATCT TCTAAATATA AGAAAGCTGC TTTACCTGTT AATGCTTCAA	3180
	TACGACGCAC ACCAGCTCCT GTACCTGACT CACTTACTAT TTTGAATAAG CCAATTTTCA	3240
	AAGTATTGCG GACATGAATA CCACCACATA ATTCAATTGA AAATGGTGCC ATATTTACTA	3300
15	CACGCACAAC ATCACCATAT TTTTACCAGA ATAATGCCAT TCGCCCCATT TCTTTAGCTG	3360
	AAGCAATATC CATTTCTTGA ATGTAAACGT CAATACCTTT CCAAATTTCT TCATTTACTA	3420
	AGCGTTCAAC TTGATCAATT TCATCATTAG TCATTGGACC AAAATGAGAG AAATCAAAAC	3480
20	GTAAACGATC TGCTTCTACT AGTGAACCAG CTTGGTTAAC ATGATCACCC AGTACTGATT	3540
	TCAACGCTGC ATGTAATAAA TGTGTTGCAC TATGTTCTT TTGAATGTCA CGTCGATCAT	3600
25	TTTGGTTCAC TTCAGCAGAC ACTGTAGCGC CAACATTTAC TTGGCCAAAT TGTACTACTC	3660
	CTTTATGCAA GTTTTGACCA TTTGGTGCTT TGGTTACTTC ACTAACAGCA ATTTCAAAAT	3720
	TGTCATTATA AACAAATACCT GTATCCGCAA CTTGTCCACC ACTGATTGCA TAAAATGGTG	3780
30	TTTCCGTAA CATGAAGTAT ACTGTTTCAC CCGCTTCAAC TTGTGAACT TCTTCACCAT	3840
	TGTATATCAA GTGTGTTAGT GTTGTGTTGAG CTGTGCGAGT ATCATAACCA ACAAAGTAC	3900
	TTGCAGATGT AATATTTTTC AATACTTCAC TTTGAACTTG CATTGATTGA GAATTTTGAC	3960
35	GTGCTTGACG TGCACGATCA CGTTGTTGTT GCATTCTGA CTCGAATGTT GTCATATCAA	4020
	CTTTCAATCC TGCTTGCACT GCTATTTCTT CAGTTAATTC AATTGGGAAC CCATACGTAT	4080
	CATACAATTT AAATGCATCT TTCCATTAA TTTCAATTGT TGTCGCTTTA GCTTTTTTAA	4140
40	TTAATTCATT TAAAATCGCT AAACCATCTT CTAATGTTTC ATGGAATCGT TCTTCTTCAG	4200
	ACTTTATAAC ACGCTTAATG AAATCTGCTT TTTCCTTAAC ATTTGGATAA TATGGTTCCA	4260
	TAATGTCTGC AACAAATATCA ACAAGTTTGT ACATAAATGG CTCATTGATT CCTAACGTTT	4320
45	GACTAAAACG AACGGCACGA CGTAACAATC GACGTAATAC ATACCCTCTA CCTTCATTGG	4380
	CAGGTAATGC ACCATCAGAA ATTGCAAATG CAATCGTACG AATGTGGTCA GCAATTACTT	4440
50	TAAATGCCAC ATCTTGTTTCG TTGTTTACTA AATATTGTTT ACCTGATACT TTTTCGATTT	4500
	CATTCATTAT AGGCATAAAT AAATCTGTTT CATAGTTAGT ACGTACATTT TGAGAAACTG	4560

55

	TATGATCTTT ATTATGATTG AATTCACATA ATACTAAGTT CCATACTTCA AGATAGCGTT	4680
	CATTTTCTCC ACCTGGATAC ATTTCTTCTG CCGGATCGTC TTGTCCATAT GCTTCTCCGC	4740
5	GATCATAGAA AATCTCAGTG TTCGGTCCTG AAGGCCCTTC ACCAATATCC CAGAAGTTAC	4800
	CTTCAATGCG AATAATACGA CTTTCTTCAA GCCCAATATC TTTATGCCAA ATGTTGTATG	4860
	CTTCCATATC TTCCGGATGA ATCGTAACGT ACAATTATC TGGCTCCATA CCCATCCATT	4920
10	TATCACTCGT TAAAAATTCC CAAGCAAATT CAATCGCTTC TTGTTTAAAA TAATCACCAA	4980
	TTGAGAAGTT ACCTAACATT TCAAAGAATG TATGGTGACG CGCTGTGAAA CCAACATTTT	5040
	CAATATCATT TGTACGAATA GCTTTTTGAG AGTTTACAAT TCTTGGCTTT TTAGGTGTTT	5100
15	CACGTCCATC AAAATATTTT TTTAATGTTG CTACACCTGA ATTAATCCAT AATAATGTAT	5160
	CATCATCAAT TGGCACTAAT GGTGCAGAAG GTTCAACCAT ATGTCCTTTT TCAACAAAGA	5220
20	AATCTAGATA TTTTGTCTA ATTTCACTCG CTTTAACTT TTTATCATT TACACATCCT	5280
	ATTTACTGTT TTAAATTAC CATTCCATAA AAATTGATGA CACAGATAGT CGATTTGCAA	5340
	AACTAGTATA AATCAATATC ATTTTTTATT ATTAAAAAT AAAAAACGCC CATCCTCAAA	5400
25	AGGGACGAAC GTTATCGCGG TACCACCCTA GTTATAAATG CAATTCAACA CATTTATCAC	5460
	TTTAATTCGA CTATACAGTT GTGCATAAAG TAGCGTTCAC TAATGTTTGT TGTACTTTTC	5520
	ACCAACCAGT ACATCTCTGA TAAACAAATC ATTAACACT CATCTTTATA CGAATTTAAT	5580
30	TCTATTTTAG TTACATTTAC GCTTGTGTC AACGTTCTAT AAAGTCATAC GGCGTGATTT	5640
	CTCCCATATT AATCATTGGG TCAATTTTAA ACATTGTAGC TTCCGTTAAT ACATTTGTAT	5700
	CTGTTTTTGT TGAATCAGAC ATAACTTCTT CACTATCATT CGATGACATT GGCGTTCTA	5760
35	CTTGATCATC TATTGTCGTT TGTGAAGCTC CTGTATCATT AgTTGCTGTG TTTTCCAgCA	5820
	TTTCTTCATC TTCTGAATTA AAATAATTTT TCAACAATGT ACATAATTGT GTTAAACGCG	5880
	CTTGACCATT TGTTTTCAAT CCAATATCAA ATGCTTCCGG ATCACCAAGT AAAACTAAAC	5940
40	TCGTTTTTCG TCTAGTTAAA CCAGTATATA ATATCGGTCT TTGTAACATT CTAAAATACT	6000
	GTTTAACAAT AGGCATGATA ACAATAGGAA ATTCTGAACC TTGTGATTTA TGGATTGATG	6060
45	TACAATAAGC ATGTGTTAAT TCCATCATAT CTGTTCGTT AAATGTAATT TCATTACCTT	6120
	CAAAATCCAC AACAAGTACA TCTTTATTAA GGGCATTTC TTTGCCCCAA AAAATACCAA	6180
	CAATAACTCC TATGTCACCA TTGAATATGT TATCATTTGG CCTATTACA AGTTGTAATA	6240
50	CTTTGTCACC TTTTCTAAAG ACTACATCAC CAAACTCAAT TTCTCGTGTG TCTTTCTTTT	6300
	TAGGGTTTAA AATATCTTGT AAAACTTGAT TTAAACGTTT AATACCGGCA TTTCTTTAT	6360

55

EP 0 786 519 A2

	CTACCTTCTC AACAACTGTT GGTATTTGGT TTGCCTGACA GTTAATAAAA CTTCTATCAT	6480
	GAAAACGCTG TGTAATATCA ATTTTCTGAC CCAACTTCAT TCGATGTGCT AATTCTATAA	6540
5	TGCTTGAACC ATCTTGTTGA CGATATACTT CAGTCAGATT TACTCGTGGT ATAGCTTTTCG	6600
	ATTCAATTAA ATCTTTAAAT ACTTGACCAG GACCTACAGA AGGCAATTGG TCCTCATCAC	6660
	CTACAAATAT CAATTGTGCA TCTAAAGGAA CTGCACTTAA AAATTGGTGG AACAAACCAAG	6720
10	TATCTACCAT AGACATCTCA TCAATGATTA TGAGTCGTGC GTTTATTTCA TTTTCTAATA	6780
	TATCTCTGG CTTTGTGTCT TGATTCCAAC CTATTAAACG ATGAATCGTC ATTGCTTCTA	6840
	ATCCAGTTGA CTCTTGAGT CTCTTAGACG CTCTTCCTGT TGGCGCTGCT AATACAACTG	6900
15	GATAATCATC ATTGACATAA TCATCATAAT CTAATGATAA GCCATGAATC TCAGCATATA	6960
	ATTCAACAAT ACCTTTAATT ACTGTCGTTT TTCCTGTTCC CGGTCCACCG GTTAATAGCA	7020
	TCACCTTAGA ATTGATAGCC GTTTGCAAAG CTTCTTTTIG TGAAGCTGCA TAGTTCACCT	7080
20	GATTCGCATC TTCTATTTCA CCAATATGCA TTTGTAAATC TGACTGTTCA ATTTCTGTAA	7140
	GTTTATTTGT ATGCGTCTTT ATTCTGAATA AGTTTTGAAC ACTTTTGATT TCaGAATAAT	7200
25	ACAAACTTGG AATTGCAACT TGTTCaTTGT CAATAATTAG TCGTTTTTCC TCATTTAAGT	7260
	ATTGCAACAT TTCGTCTAAT TTTTCAGGTT CGATGACCTC TTCATCTTGa TAATTTAATA	7320
	CATCAACCGT TAAATCTATA ACAACATTGA TAGGCAAATA TGTATGTCCC TGTTTAATAC	7380
30	ATTCTTCTTC TAACGTATAG AGCAACGCAG CTTTTAATCG TTCATTATCG TTATAAGCGA	7440
	TACCAATATT TCTAGCAAGT TGATCTGCTT TATTAAAACC AATACCTTTA ATATCATAAA	7500
	TCAATTGATA TGGATTTGCA TCTAAAATAG TCAGTGTATC GCCGAGATAA AACTGATAAA	7560
35	TTGCCATTGA AAGTTTAGGA CCAAACCCTA AATCATGTAA ACGAATCATT ATTTTTTCAG	7620
	ATTCTTGATT TGCTGAAATT TGTTCTGCAA TTTGTTTCTG TTTCTTTTGA GATAATCCCG	7680
	AAACTTTTTTC TAGCACTGAA TGGTCATCTA ATATATCATT TATCGCATTG TCACCTAATG	7740
40	TATTAACAAT ATTTTGAGCT GTCTTTTAC CTACACCTTT AAACAAATCA CTAGATAAAT	7800
	AACTTATAAT TGCTTCTTTC GTTTGTGGCA TTTCTTTTTC AAAAGTCTCT GCTTTTAATT	7860
	GTTTACCATA ACGTGGATGA TCAACAACCT GCCCTTTAAA TGTGTAGACA TCGCCTTCAA	7920
45	CAATATTCGG AAGAAACCCT ACAACAGTTG GCATTGTATC AAAGTCTTCA TTTGTTTCAA	7980
	TAGTATCTAC TTTAAGCACT GTATAAAAAT TATCACTGTT TTGAAACAAT ATCGCTTCAA	8040
50	CAGTACCTTT GATCATTGAA TAATCAAATA GTGTAGGGTC TGACATGTTA CTCCTCCTCT	8100
	TTCATTTTAG TGAATGTTTT CAGCGCATGC TGACTTAATA AGTGTTTAGG GTCGATAGTC	8160

55

EP 0 786 519 A2

AAGCCCAAAT TGTATCTTGC ATCAACATGA TTTTATCAA TCGTTAATAC ATGTTTAAGT 8280
 TGAGTTATGG CTTCAATAAA CATTCTAAT TGACATAATA CAAGACCATA TTGAAATTGA 8340
 5 ACTTCTGCAT CTTTGTCTTT ATCTAGTTCC GCAGCAGTCA TTAAATACGG CAATGCCAAG 8400
 CTTAAATGAT TCTAACTGAT TAAACGCCAT ACCGATCATA TAATTACAAT CAACTTGTTT 8460
 AATCTCTGTT TGTAATGCTT GTTGATATAA TTTAATAGCT TCTTGATAAC GTTGCTGATT 8520
 10 ATAATATACA TTTGCTAGAT TAAAAAATAC GACGCCATTC TTCGGATCTA TTGTnAAAGC 8580
 TTTTGGGAAA AAACGCTCTG CCTTTCaay CyCATTcGCA TCAGCAAGTA CGATmCCaGC 8640
 ATTAATATAA TTTTCAATAA TTGTAGGATT TTCTTCGATA TTTCCGAACA ATGCTTGTA 8700
 15 CGCTTCTTCT ATTTTCCAT TTTGTATGTA TTGATAAATT GTTTGTGAT CTATCATTTA 8760
 CGAACCTCAT TTCTCATCAA TTATAACATC TTGATAAATT GTATGTCTCG AATCACTTAA 8820
 CAACGAATAA AATATAATCT AATATCATCT TCATTATGA AAAAGCGGGA ATGGAATAGA 8880
 20 AATGCTTAAG AACCATTAAAC GGTATTATTAT GTAATGGTTC TTCCACATTA GCCACCACTA 8940
 TTATGTACTT AAAAATAAGA ATACATAATT AGATTATGTC ATAGGGAGTG GGACAGAAAT 9000
 25 GATATTTTAA CAAAATTAAT TTCGTTATCC CCAACTGGCA TTGCCTGTAG AATTCTTTA 9060
 CGAAATTCTC TATGTTGTGG TCCCGCCAAT ATAACATTGT AGAGCCTAGG ACATTGTGAT 9120
 GTCCAGACT CTATCCTCAT GAATTATTCT CATCAAAAAC TGTCTTTCGT CATTTTCAAC 9180
 30 GTTGAACTT CAAATAAGTA ATTTATTGTT GCCATTGTTT ATACAACATA ATTTAATTGA 9240
 CCTTCATTTT TGAACACATC GTCAATTGTT GCACCACCAA GACACACATC ACCTTGATAA 9300
 AAAACAACG CTTGTCCAGG TGTGATTGCT CTTACTGGCT CAGCAAAAGT AACACGTAGg 9360
 35 CATGGtCGTT TTCACGTTT ACAAAACTT TCGTATCTTT TTGGCGATAT CTAAATTTAG 9420
 CTGtACATTC AAAACCTTGA TCTAAGTCAT TATCTTCGG ATTTACAAAT GAATAGTCTG 9480
 AAGCAATTAA GTAATCACTG TATAATGCAT CGTGATGGAA TCCTTGTTCT ACATATAAAA 9540
 40 CATTATCTTT TAGGTTTTTA CCGACAACAA ACCAAGGATC GCCATCTCCA CCTATACCTA 9600
 ATCCATGTCT TTGTCTATT GTGTAATACA TCAAACCACT ATGTTTACCC ATTTTCTTAC 9660
 CATCAAGTGT TATCATATCA CCCGTTGTG CAGGTAAATA TTGTGATAA AATGTTTTAA 9720
 45 AGTTTTTTTC GCCGATAAAA CAAATGCCTG TAGAATCTTT TTTCTTAGCA GTAACAAGTC 9780
 CTTGTTCTTC AGCAATTGGA CGCACTTCAC TCTTTTCGAT GTCGCCAATT GGGaACATCA 9840
 50 CTTTGAAG TTGTTGTTGA GATAATTGAT TCAAGAAGTA TGTTTGATCT TTATTATTAT 9900
 CTACACCACG TAACATTTCA ACATGACCAT CTTATGACG ATGTATGCGT GCGTAATGTC 9960

55

EP 0 786 519 A2

	TTTCTTTATT ACACATAACG TCTGGATTGG GAGTACGACC TTTTTTGTAT TCATCTAAGA	10080
	AATACGTAAA GACTTTATCC CAATATTCTT TTTCAAAATT AACAGCGTAA TACGGAATGC	10140
5	CAATTTGATT ACACACTTCA ATAACATCGT TGTAATCTTC AGTTGCAGTA CATA CGCCAT	10200
	TTTCGTCAGT GTCATCCCAG TTTTTCATAA ATATGCCAAT GACATCATAA CCTTGTTCTT	10260
	TTAAGACGTG GGCTGTTACA GAACTATCTA CACCGCCTGA CATACCAACG ACAACACGTA	10320
10	TATCTTTATT TGACAATTAT GACTCCTCCT TAAATTTAAA ATATATTTTA TGAATTCAG	10380
	CTACAATTGC ATTAATTTC A TTTTCAGTAG TCAATTCGTT AAAACTAAAT CGAATCGAAT	10440
	GATTTGATCG CTCCTCATCT TCGAACATTG CATCTAAAAC ATGCGACGGT TGTGTAGAGC	10500
15	CTGCTGTACA TGCAGATCCA GACGACACAT AGATTTGTGC CATATCCAAC AATGTTAACA	10560
	TCGTTTCAAC TTCAACAAAC GGAAAATATA GATTTACAAT ATGGCCTGTA GCATCCGTCA	10620
	TTGAACCATT TAATTCAAAT GGAATCGCTC TTTCTTGTA TTTAACTAAA AATTGTTCTT	10680
20	TTAAATTCAT TAAATGAATA TTGTTATCGT CTCGATTCTT TTCTGCTAAT TGTAATGCTT	10740
	TAGCCATCCC AACAATTGTC GCAAGATTTT CAGTGCCTGC ACGGCGTTTC AATTCTTGTT	10800
25	CACCGCCAAG TTGAGGATAA TCTAGTGTA CATGGTCTTT AACTAGTAAT GCACCGACAC	10860
	CTTTTGGTCC GCCAACTTA TGAGCAGTAA TACTCATTGC GTCGATCTCA AATTCGTCAA	10920
	ACTTAACATC AAGATGTCCA ATTGCTTGAA CCGCATCAAC ATGGAAATAT GCATTTGTCT	10980
30	CAGCAATAAT ATCTTGAATA TCATAAATTT GTtGCACTGT GCCAaCTTCA TTATTTACAA	11040
	ACATraTAGa TACTAAAATC GTCTTATCTG tAATTGTTTC TTCAAGTTGA TCTAAATCAA	11100
	TAGCACCTGT ATCATCAACA TCTAGATATG TTACATCAAA ACCTTCTCGC TCTAATTGTT	11160
35	CAAAAACATG TAACACAGAA TGATGTTCAA TCTTCGATGT GATAATGTGA TTACCCAATT	11220
	GTTCATTGTC TTTTACTATG CCTTAATTG CCGTATTATT CGATTCTGTT GCGCCACTCG	11280
	TAAATATAAT TTCATGTGTA TCTGCACCAA GTAATTGTGC AATTTGACGT CTTGACTCAT	11340
40	CTAAATATTT ACGCGCATCT CTTCCCTTAG CATGTATTGA TGATGGATTA CCATAATGCG	11400
	AATTGTAAAT CGTCATCATC GCATCTACTA CTTCAGGTTT TACTGGTGTG GTCGCAGCAT	11460
	AATCTGCATA AATTTCCATG TTTGGACACT CCTCACAATT TTATCAATGT TCCAATAATA	11520
45	GCACCTTACA TACTATTTTT CTACTTTTCT GTTTAACTTT ATTTATAATG TTTTAAATTA	11580
	TATTTTACCA TTTTCTACAC ATGCTTTTCG ATAGGCTTTT TTAAGTTTAT CGCTTTATTC	11640
50	TTGTCTTTTT TATAAATTTT AGTATTTGCA GATATTTTTT TATTTGTAAA ATGTAACGTA	11700
	CTATTATTTT GGTTATGAGC AATTTAATAT TTATCTGGTT ATTCGATTGG TATACTTCTT	11760

55

EP 0 786 519 A2

	GTCCCTATTG	GAGAAGGTGA	AGATGAACAA	ACAGCAATTA	ATAATATGGT	TAATCTCGCA	11880
	CAACATTTAG	ACGAATTATC	ATATGAAAGA	TATTGGATTG	CTGAACACCA	TAACGCTCCC	11940
5	AACCTAGTAA	GTTGAGCAAC	TGCTTTATTA	ATTCAACATA	CGTTAGAACA	TACGAAACAC	12000
	ATACGTGTAG	GTTCTGGAGG	CATCATGTTA	CCTAATCATG	CTCCATTAAAT	CGTTGCGGAA	12060
	CAATTTGGCA	CGATGGCAAC	ATTATTTCCA	AATCGTGTG	ATTTAGGATT	AGGACGTGCA	12120
10	CCTGGAACAG	ATATGATGAC	CGCAAGTGCA	TTAAGACGAG	ATCAACATGA	TGGTGTTTAT	12180
	AAATTTCCAG	AAGAGGTTTC	ATTATTACAA	CAATATTTTCG	GCCCTGCTCA	CCAACAAGCA	12240
	TATGTTTCGTG	CTTATCCAGC	AGTAGGTAAA	AATGTGCCTT	TATACATTCT	TGGTTCTTCA	12300
15	ACAGATTCTG	CACATTTAGC	TGCTCGCAAA	GGGCTTCCAT	ATGTGTTTCGC	TGGACATTTT	12360
	GCACCTCAAC	AAATGAAAGA	AGCTATCGAA	ATTTACAAAA	CGTTATTTGA	ACCTTCTGAT	12420
	GTATTAGACG	AACCTTATGT	TATTGTATGT	TTAAATACAA	TCGTTGCTGA	AAATGATGAC	12480
20	GAAGCACAAAT	ATTTAGCTTC	ATCTATGGCA	CAAGTAATGG	TTAGTATCAC	TCGTGGCAGA	12540
	ATGCAGCCCCG	TTCAACCGCC	AACACATGAA	CTACAAAATA	TATTAACGCC	GAGAGAATAC	12600
	GCGATGGCTA	TGGAAGACA	GAAATATCA	TTAATAGGTT	CAGAAAATAC	TGTTCAACAA	12660
25	AAAATTCAAG	ATTTTATGGA	AACTTATGGT	GAAGTCAACG	AAATTATGGC	AATAAGTTAT	12720
	ATTTATGATA	AAGATATGCA	ATTAGACTCT	TATCGTCGGT	TCAAGAATGT	TATAAATCAG	12780
30	ATAAATGAAA	AAAACACTTT	ATAATGTGAT	AAATAAACTA	AGTGAAAGTA	TGTATCCATA	12840
	ATATTAATAA	AAATATACAG	TAACAGCATT	TTGAATGAAA	GATGTCTTTA	TTGTTCAATC	12900
	ATTTATTTTA	GTAATGATTC	AAATTCACCT	AAAATyCTAA	tGCAAATATG	AAAGCGCCCC	12960
35	TTCAcTTTAC	ACTGTGTAAG	TGTTTATTTG	ATGGGGCGCT	TTCAAAATAT	TGAAAAGCAT	13020
	ATCCδAAATT	TAAAGAAATT	TATTTCTCTT	TATCTTCATT	TTCTTTTTTC	TCTTCGTTAT	13080
	TCGATCCTGT	ATATTCATTT	ATCTTATCTT	TTACATTTTT	AACTTGTTCA	TTATCGCTAT	13140
40	TTTTAAATTT	TTCTACGCGT	CTTTAGCTTT	ATCCATAAAA	CTCATATTAA	TCGCTCCTCT	13200
	TATATTTGAT	TAGTTTAATT	GAACTTATTT	TTAAGTTTA	TCAATTGCAT	CAGTTATTTT	13260
45	GTTTTTAGCA	TTTTCAACAA	CTTCTTTTGC	TTTaCCAGTC	GCTTTATCTT	GCTGACCTTC	13320
	TTTTTCTAAT	TCTTTGTTAT	CAGTAACGTT	ACCTACTGTT	TCTTTAACAT	TTCCTTTAAA	13380
	TTGATCGAAC	TtACTTTCGT	CTGCCATAGT	GAAACCTCCT	TGGATGTATA	TATTTATATA	13440
50	CCACTAAGGA	GTTTCGCTmm	mCAyymyAAT	ATGAAGTTTT	TATGTTATAG	TATAGTATTT	13500
	ATACGATTAA	ATATAAAACA	TGTATCCGTC	TAAATCTTCA	CTTGATCTA	CATATTCGCG	13560

55

TAGTTGTTTT TGGCAGGTG GTTCTGATTC AATACTTTCA ACAAATGTAA TTGGACCTTC 13680

TAACAGTCTT ATAATATCCC CTGCTGAGAT TTCTT 13715

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 196:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 873 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 196:

AAATCCATAA TGTCATGATA ATCTGCATAT GCTTCATATA ATTCAATCAT TGTGAATTCA 60

GGGTATGTC TAGTTGATAC ACCTTCATTA CGGAATACTC TACCAATTTT ATATACTTTT 120

TCAAGTCCAC CGACAATTAm ACGTTTTTAA TGCAACyCAA TAGCAATACG CATGTATAaC 180

GTTGCATCTA ATGCATTATG ATGTGTTACA AATGGTCTAG CAGCTGCTCC ACCAGCAATT 240

TGGTGCATCA TAGGTGTTTC TACTTCCAAG AAACCTTTAT TATTTAAATA ATTACGCATT 300

TCTTGAATGA TTTTACTACG ATTAATAAAT GTACGAGTGC TATCTTCGTT CGTAATTAAA 360

TCTAAATATC TTTGACGATA tCTCTGTTCA ATATCCTGTA AACCGTGGAA TTTATCCGGT 420

AATGGTCGCA ATGATTTAGT TAGTAGCGTG AATTTCCTCG CTTTAACCGA TAATTGCGCA 480

GTATTTGTTT TGAACATTAC ACCTTCAACA CCAACGATAT CGCCTAAATC AGCATTTTTT 540

CATAAATCAA ATTCGTCATC GCCAACTTGA TCTTTACGAA CGTAAATTG AATTTGTCCA 600

GCTAAGTCCT GAACGTGTGC AAATCCTGCT TTACCTTTAC CACGCTTAGT CATTAAATCGT 660

CCAGCTATAG CGACATGACT ATCCGCTTCT TTTTCTACCA ATTCTTCTTT AGAATACTGG 720

TCC~~E~~ACTCTT CTTTCAAATC ACTAGATAAA CCTGAACGGT CAAATTTAGA ACCAAACGGG 780

TCTATACCAA GATCATATAA TTCTTGTAAT TtTTGACGTC GAACCAACAT TTGGTCATTC 840

ATTTCTTCTG ACATAACTtT CTCTCCTTIA ACT 873

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 197:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 452 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 197:

EP 0 786 519 A2

ACCATAATAT GAATGGCTTC AGGATCAAAA TAAAGACCAA CTTCACTGCC TACTTCAGCT 120
 TTTTGTAGTCG TTTGTATTAC CCATTCAATA CCTTTATTGT CTATACAACA TATTTTCATAG 180
 5 TGGACCCCTC TAAATAACAT AGAATCAACA GTTGCTTTAA ATAATCCTTC TTCAGCTTTG 240
 ATTAATGATA TATCTTCTGG TCGAATAACG ACTTCTACTT TTTTATTTTC AGGAATACCC 300
 ATATCGACAC ATTCGAAATC TTGCCCATAA ATATTCACGA CATAATCTCT AACCATGCGC 360
 10 CCTTCAACAA TATTAGATTG TCCAATAAAA TCAGCTACAA ATCGATTACAC TGGTTCGTCA 420
 TaTATATCTG TTGGTGTGCC AAATGTGTTGA AT 452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 198:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2308 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 198:

25 TAGGTTGGGT TCTAACATAC GATAAAGCTC AACAAATCAA CACAGCTTTC TTTGTAAAAT 60
 TGTTTAATAC TGCATTAGCA GAACGTGATT ATTATTTTAA TATAGATGGA ACAAATGCTT 120
 TTAGATTATT TAATGCTGAA GGTGATGGTG TTGGGGGATT AACAATCGAC AATTACGATG 180
 30 GTCATTTGTT GATTCAATGG TACTCAAAAG GTATTTATAA ATTAAATAT GCCATTCTTG 240
 AAGCGGTTAG AAAAGTATTT GATTATAAAT CTATTTACGA AAAAGTAAGA TTAAAGACA 300
 GCGAATATAG TGGTGGTTTT GTTGAAGGAG ATGCACCTGa GTTCCAATT GTTATCGAAG 360
 35 AAAACTTCAC ATTTTATAAT GTAGACCTTG AAGATGGTTT GATGACAGGT ATCTTTTTAG 420
 ATCAAAAAGA AGTGCACAAG AaATTAAAGG ATCAATATGC CAAAGAACGC CATGTTTTAA 480
 ACTTATTTAG TTATACAGGT GCTTTTTCTG CAATAGCAGC AAGTGAGGCA TCTTCAACAA 540
 40 CAAGTGTAGA TTTGGCTAAT CGTTCTCGTA GTTTAACTGA AGAAAATTTT GGATTAAATG 600
 CTATTGATCC TAAATCCCAA TATATTTATG TCATGGACAC TTTTGATTTC TATAAATATG 660
 CTGCACGACA TGGACATAGT TATGACACGA TCGTGATTGA TCCACCTAGC TTTGCGCGTA 720
 45 ACAAAAAACG TACATTTTCA GTGCAAAAAG ATTATGACAA ATTAATTAAT GGCGCCTTAA 780
 ATATCTTATC ATCTGAAGGA ACATTATTGT TATGTACAAA CGCAAGTGTA TATCCATTAA 840
 50 AGCAATTTAA AAATACTATT AAAAAGACGC TTGAAGAGAG TGGCGTTGAT TATGAATTAA 900
 CTGAAGTTAT GGGATTACCA AAAGATTTTA AAACGCATCC ACATTATAAG CCATCTAAAT 960

TATTGAGAAA AAGAAGGGTG ATAATATTAT GGGATTCAAA AACAAATTTAA CATCAAATTT 1080
 AACAAATAAA ATCGGTAATT CAGTCTTTAA AATAGAAAAT GTTGACGGAA AAGGTGCAAT 1140
 5 GCCAACGACG ATTCAAGAAT TGAGAGAAAG ACGACAACGT GCTGAAGCAA TTGTAAAGAG 1200
 AAAGTCTTTA ATGTCATCAA CAATGAGCGT TGTTCOAATT CCGGGTTTAG ATTTTGGTGT 1260
 TGATTTAAAA TTAATGAAAG ATATTATCGA AGATGTTAAT AAAATTTATG GTTTAGATCA 1320
 10 TAAGCAAGTT AATAGCCTTG GGGATGATGT GAAAGAAAGA ATTATGTCTG CAGCAGCAAT 1380
 TCAAGGTAGT CAATTTATTG GTAAAAGAAT TTCAAATGCA TTTTAAAAA TTGTAATTAG 1440
 AGATGTAGCT AAACGTACTG CTGCAAAACa AACAAAATGG TTTCTGTGTG TAGGACAAGC 1500
 15 TGTGTCTGCA TCTATTAGTT ACTATTTTAT GAATAAAATT GGAAAAGATC ACATTCAAAA 1560
 ATGCGAAAAT GTTATTAAAA ATGTCATGTA GGTGCTATAA TAGTTTTGCA ATTTGCAAAAT 1620
 TTTACTGAAA CCGGTTTTAA ACGAATTGAA TTAAAGcAT GGTTTTGGTA AAGTTAATGT 1680
 20 ATAAAACTAA GTTAGyATTG TAATAATATk GAAGATTCTA ACTATACGAA GGAGAAATGT 1740
 AATTATGGAA CAAAATTCAT ATGTAATCAT CGACGAGAmT GGTATTCACG CTAGACCAGC 1800
 25 AACAAATGTTA GTACAAACAG CTTCAAAATT CGATTCTGAT ATTCAATTAG AATATAACGG 1860
 TAAGAAAGTA AACTTAAAT CAATCATGGG TGTATGAGC CTTGGTGTG GTAAAGATGC 1920
 TGAAATTACA ATTTATGCTG ACGGTAGTGA TGAATCTGAC GCCATTCAAG CAATCAGTGA 1980
 30 CGTCTTATCA AAAGAAGGAT TGAATAAATA ATCATGTCTA AATTAATTAA AGGTATTGCC 2040
 GCATCTGATG GTGTCGCAAT TGCTAAAGCT TATTTATTAG TTGAGCCAGA CTTAACATTC 2100
 GACAAAAATG AAAAAGTCAC TGATGTTGAA GGAGAAGTTG CAAAGTTCAA TAGCGCTATC 2160
 35 GAAGCTTCTA AAGTTGAGTT AACTAAAATT AGAAATAATG CAGAGGTTCA ACTAGGTGCT 2220
 GATAAAGCTG CTATCTTTGA TGCacaTTGG GGGGTGGTAG ATGACCCTGA ATTAATTCAA 2280
 CCAATCCAAG ATAAGATTAA AAATGAAA 2308
 40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 199:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5559 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 199:

AAGTAATAAA TCGTCTCATT TGGCAACTGA CGCATAATTT CTTTAGCTAC TGTCAAACCT 60

EP 0 786 519 A2

	TTTAATTTTT AGTTTATCAT AACTAAGCAT TGGATTTTAG TATTATGCAC TGTGTTTACC	180
	ATTTTTGTCA TTATAATATT TATTTTAAAT CAGCCCACTA TCATATTGTC ATGTAATCTG	240
5	CTTATTAAAA AAATCCCTTC CAAGTTATTG TGTATCTCCA TTCAATTAA TTTTGAAAGG	300
	AACATAACWT TTTAACTCAA AAGGGATTAA TTTnTAnTCT ACTTCATGGT CTGAACCAA	360
	GAATGATTTA AACATGTGGA ATGTTGTTTC TCTGTTCAAT GCTGCAATGG ATGTTGTAA	420
10	TGGAATACCT TTAGGGCAAG CATTAAACACA GTTTTGTGAA TTACCACACT GCTGTAAGCC	480
	ACCAGTACCC ATTAATGCAT TTAAACGTTT ATCTTTAGTC ATAGATCCTG TTGGGTGCAA	540
	ATTAAACAAA CGAACTTGCG AGATTGCTTG TGCACCAACG AaTTTATTAT TTTCAGTAAC	600
15	ATTAGGACAA ACCTCTAAAC ATACACCACA TGTACATACAT TTAGATAAAT CATAAGCTGT	660
	TTGACGTTTT TTCTCTGGCA TACGTGGTCC CGGACCTAAA TCATACGTTT CATCAATTGG	720
	GATCCATGCT TTCATACGTT TTAAGTTATC GAACATTCTA GAACGATCAA CTTGTAAGTC	780
20	ACGGATAACT GGGAAAGTAT TCATTGGCTC TAAACGAATA GGTGTTCTA ATTGATCAAC	840
	AATCGCAGAA CAAGATTGTC TTGCACGACC ATTGATAACC ATAGAACATG CTCCACATAC	900
25	TTCTTCTAAG CAGTTCATAT CCCAGACAAC AGGTGTTGTT TTTTCACCTT TAATATTAAC	960
	TGGGTTACGT CTAATTTCCA TTAAACAAGC AATGACGTTT AAATTTTCAC GATATGGAAT	1020
	TTCAAATGTT TCTTCATAAG GCTTAGAATC ACTTGATATCT TGTCGTTTAA TAATTAATTT	1080
30	TACTGTTTTT TGTTTCGGTT TAGATTGTGT TTCATGTTGT GGAGTGTGTT TCACTGATTG	1140
	TTCAGTCATT ATTTTTTACC CCCTTTAGAC TTAAGTTGTT AATCACGTTT ACGAGGTGGT	1200
	ATTAAACTCA CATCGACGTC ATCATAAGTA AACTGCGGTT TTTCAAATGC GCCTTGAAT	1260
35	GAGGCCATTG TCGTTTTTAA CCACTCTTCA TCATTACGCT CTGGGAATTC TGGTTTATAA	1320
	TGGGCACCGC GTGATTCGTT ACGGTTATAT GCACCAATCG TAATAACACG TGCAAGTACT	1380
	AACATGTTCC ATAGTTGACG GGTAAGAAT ACCGCTTGGT TACTCCAAGT TTGAGTATCT	1440
40	TCCATATCAA TATCTTCATA ACGTTTCATC AATTCAACAA TCTTTTTATC TGTTTCTAAC	1500
	AGTTTTTCAT TTTCACGAAC AACAGTTACA TTTGCTGTCA TAATTCACC AAGTTCACGG	1560
45	TGTAATTTAT ATGCATTTTC TGTACCGCGC ATAGCTAATA ATTTATCAAA ACGTTCTTGC	1620
	TCTTCAGCTT TACGCTTTTC AAAAATACTT TCGTCCATAT CAGTATATGA TCGATCAATA	1680
	TTTGAAATAT AATCAATCGC GTTTGGACCT GCTACTGTAC CACCATAAAT CGCTGATAAC	1740
50	AATGAATTGG CACCTAAGCG GTTACCACCA TGTGAGAGA AGTCACATTC TCCAGCTGCA	1800
	AATAACCCTT TAATATTTGT CATTTGATCA TAATCTACAT ATAGACCACC CATTGAATAG	1860

55

EP 0 786 519 A2

	TAAATCTCAA TGATACCACC TAGTTTTACA TCTAACTCAT GTGGATCTTT ATGTGACAAA	1980
	TCAAGATATA CCATGTTTTTC GCCATTATA CCTAATTTTT GGTAAATACA TACATCGAAA	2040
5	ATTTCACGCG TTGCGATATC ACGAGGTACT AAGTTACCAT AATCAGGATA TTTCTCTTCT	2100
	AAGAAGTACC AAGGCTTACC ATCTTTATAT GTCCAAATTC GTCCACCTTC ACCACGTGCT	2160
	GATTCACTCA TTAGTCGCAG TTTATCATCA CCAGGGATTG CAGTAGGATG AATTTGAATG	2220
10	AACTCACCAT TAGCATAAAT AGCGCCTTGT TGGTAAACAA TGAAGCCGC TGATCCTGTA	2280
	TTAATCATTG AGTTTGTTGT TTTACCGAAA ATAATACCAG GGCCACCCGT TGCCATAATA	2340
	ACTGCATCTG AACCAAATGT TTCAATCTCA GCAGTTGTCA TATTTTGTGC AaCGATACCT	2400
15	CTTGCACTAT CATCGTCACC TTTAACTATG CCAAGGAATT CCCATCCTTC ATACTTCGTA	2460
	ACTAATCCAT CTACTTCATA TGCACGAAT TGTTCATCCA ATGCATATAA TAATTGTTGT	2520
	CCAGTTGTTG CCCCTGCATA TGCTGTTCTG TGATGTAATG TACCACCGAA ACGTCTAAAA	2580
20	TCTAATAGAC CTTCAATTTGT TCTATTGAAC ATTACGCCCA TACGGTCTAA TAAATGAATA	2640
	ATTTTAGGTG CTGCCTCTGT CATCGCTTTA ACAGGTGGTT GGTGTGCAAG GAAATCGCCA	2700
	CCATACACTG TATCATCAAA GTGAATCCAA GGAGAATCGC CTTCCCCTTT AGTATTGACC	2760
25	GCACCATTAA TGCCACCTTG GGCACAAACA GAGTGCGAAC GCTTTACTGG TACAACTGAG	2820
	AACAAATCTA CATGTGCACC TTTTCTGCCC GCTTTAATTG TTGACATTAA GCCCGCTAGG	2880
30	CCACCTCCGA CAACAATAAG ATGTTTCTCT GCCATAAAAA TTCACTCCC CTAAATTTTC	2940
	AATCTATATT TGTTAAATGC GATGTATTAC ATAAAGGCAA TAATTGCAGT AACACCAATA	3000
	TACGAAATAA CTAAAAATAC GATTAATGAA ACCCATGTAA ATACTCGTTG TGATTTTGA	3060
35	GATTGAAGTC CACCCCAAGT AACTAAGAAT GACCATAAGC CATTTGCAAA GTGGAACACA	3120
	ACAGCAATAA TACAAATAAT ATAAAAATATT GCCCATCCAG GATGTTGCAA TGTTTCGTGC	3180
	ATTAAATCGT AATTCCTTC TTTGCCGTAA AATGCTTTTT GTAAACGTGT TTGCCATAAA	3240
40	TGGATACCAA TAAAGATAAA TGTTAAGATA CCACTCACTC TTTGGAAGAA GAACATCCAG	3300
	TTTCTAAAAA TCGAGTAATG TCCAACATTT TCTTTTGCTG TAAATGCAAT GTGTATACCA	3360
	AACAAACCGT GATATAACAA CGGAATGTAT ATAAATAAAA ATTCTACAAT AATTAGAAAT	3420
45	GGTAATGATT CCATAAAGTT AGATGCCTTA TTAAACGCTT CAGCACCTTG TGTTGCTTGG	3480
	TGATTCACTA ATAAATGAAC GACCAAAAAT GCACCTATTG GGATAATACC TAATAACGAG	3540
50	TGAATACGTC TTAGATAAAA TTCATTTTTT GATTGAGCCA AAAGGAGTCC CCCCTGTGAA	3600
	CGAATATTTA ATTTATTGAG CTATTTATAT TAAACGTACG CTTAACCCCC TAAAGTGATA	3660

55

EP 0 786 519 A2

	CGATCACCAA	ACTGCATGTC	GAACAATGTA	ACATTTGGAT	TCGATATTTA	AAATTGCTTG	3780
	TGATGATAAA	CTTTCTCATT	TAGAAAACGC	TTCCACGTAC	ATTCAAAAAA	ATAACTTTGT	3840
5	TAACCATATT	GTAACATTAT	TTCATATATT	TTGGGGCATG	AGAATGATTC	TCACGCCCAG	3900
	TAATTTATTT	ATGCAATTGT	TCATGTAGGT	TCTTTGCGAC	GTTTTTCAGGA	ATACCTATAT	3960
	TTTTAAATC	TTCAAGTGTA	GCTTCCTTCA	TTTTCTTGAT	TGAACCGAAT	GAACGCAATA	4020
10	ATAATGTTTT	ACGTTTGTTA	CCGATACCAT	CTATATCATC	AAGTATTGAT	TTCAAGCCTG	4080
	TCTTTTGACG	TGTTTGTTCTA	TGAAATGTGA	TTGCGAATCT	GTGAACCTCA	TCTTGGATAC	4140
	GGTGCAACAA	ATAAAATGCC	TGGCTATTTT	TCTTCAGTGG	TACAATTCT	GCACTAGCGC	4200
15	CATATAATAA	TTCAGATGTT	TGGTGTTTAT	CATTTTTCTG	CAAACCTGCA	ACAGGGATAT	4260
	CAAGACCTAA	TTCGTTTTGT	AGCACATCAA	TAACCCCGTT	CATATGTCCT	TTACCACCAT	4320
20	CTACTATTAT	TAAATCAGGT	AATGGTAATC	CTTCGTTTAA	AACGCGAGAA	TATCGTCGTC	4380
	TTACTACTTC	TCTCATTGAT	TTGTAATCAT	CTGGACCTTT	AACCGTTTTG	ATTTTATACT	4440
	TTCTATAATT	TTTCTTATCT	GGTTTACCGT	CGACAAATGT	AACCATTGCT	GACACTGGAT	4500
25	CCACACCTTG	AATATTAGAA	TTATCGAATG	CTTCAATTCT	AATTGGTGTT	TGAATTCCCA	4560
	TTTGTGTTC	AAGTTCTTCA	ATAGCTTTAA	TCGTTCTGGA	CTCATCACGT	GATATTAATT	4620
	CAAATTTATT	ATTTAAGGAT	ACTTTAGCGT	TATGTGCAGC	TAGGTCAACC	ATATCTTTTT	4680
30	TGGGACCTCG	CGCGGGTTGA	ACGATTTTAG	TGTCCACAAC	AGATTGAATC	ATTTCTTTAT	4740
	CCAAATTACG	TGGTACATGA	ACTTCCTTAG	GTAAAATATG	TTGGTTTAAG	CTATAAAATT	4800
	GTCCAATAAA	TGTATAAAAT	TCTTCTTCTT	CTGTTTGCTG	TAATGGAATC	ATCGTTGTAT	4860
35	CTCGCTTTAT	CATATTACCT	TGTCGTATAA	AGAAAAGT	GATACACATC	CATCCTTTAT	4920
	CAACACTATA	ACCAAAGACA	TCACGAATCG	TTTTATCTGA	TGACATAATT	TTTTGTTTGT	4980
	TTGTGAGATT	TTGAATATGT	TGAATTAAAT	CTCTATATTC	TTTAGCCCGT	TCAAAATCAA	5040
40	GTGATTCACT	TGCAGTTAAC	ATTCGCTCTT	CTAAACTTTT	TAAAATTGTT	TTGTCTTCCC	5100
	CATTCAGAAA	ATCAGTAATT	TCCTTCGTCA	TTTGTGCGTA	TTTACTCAAA	TCAACGTCAT	5160
	ATACACATGG	TCCTAAACAT	TGTCCAATAT	GGTAATAAAG	ACATAATTTA	TCTGGCATCT	5220
45	TATCACATTT	GCGATATGGA	TATATTCTGT	CTAATAACTT	TTTAGTTTCT	TGAGCAGAAT	5280
	ATGCATTCGG	ATACGGTCCG	AAATATTTGC	CAGTACCTTG	TTTTACAGTT	CTCGTCACTA	5340
50	GTAGTCTAGG	ATATTTCTCC	TTGTAATTTT	TAATAAATGG	ATAACTTTTA	TCATCCTTTA	5400
	ATAATATATT	ATATCTTGGT	TGATATTGTT	TAATCAGATT	CAATTCCAGT	AAAAGTGATT	5460

55

TTTTCATC ATGAGCACCC GTAAATATG ATCGCAATC

5559

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 200:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4594 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 200:

15	AAATCAATCG AGTGGCATGT CAAGGTCATA TCAATATTTT AGAATCTGCG ACTATGAGAG	60
	AGGAAATAAA TGAAATTGCG CGACGTATCA TCGTTGATAT TCGTGATAAG CAATTACGAT	120
	ATCAAGATAT TGCTATTTTA TATCGTGATG AATCTTATGC TTATTTATTT GATTCCATAT	180
20	TACCGCTTTA TAATATTCCT TATAATATTG ATACAAAGCG TTCGATGACA CATCATCCGG	240
	TCATGGAAAT GATTGCTTCA TTGATTGAAG TTATTCAATC TAATTGGCAA GTGAATCCAA	300
	TGCTACGCTT ATTGAAGACT GATGTGTAA CCGCATCATA TCTAAAAAGT GCATACTTAG	360
25	TTGATTTACT TGAAAATTTT GTACTGAAC GTGGTATATA CGGTAAACGT TGGTTAGATG	420
	ATGAGCTATT TAATGTCGAA CATTTTAGCA AAATGGGGCG TAAAGCGCAT AAAGTGACCG	480
	AAGATGAACG TAACACATTT GAACAAGTCG TTAAGTTAAA GAAAGATGTC ATTGATAAAA	540
30	TTTTCATTT TGAAAAGCAA ATGTCACAAG CGGAACTGT AAAAGATTTT GCAACTGCTT	600
	TTTATGAAAG TATGGAATAT TTCGAACTGC CAAATCAATT GATGACAGAG CGAGATGAAC	660
	TTGATTTAAA TGGTAATCAT GAAAAGGCGG AGGAAATTGA TCAAATATGG AATGGCTTAA	720
35	TTCAAATCCT TGATGACTTA GTTCTAGTAT TTGGAGATGA ACCAATGTCG ATGGAACGTT	780
	TCTTAGAAGT ATTTGATATT GGTTTAGAAC AATTAGAATT TGTTATGATT CCGCAAACAT	840
40	TGGACCAAGT AAGTATTGGT ACGATGGATT TGGCTAAAGT CGATAATAAG CAACATGTTT	900
	ACTTAGTAGG TATGAATGAT GGAACGATGC CACAACCAAGT ATGCGTCAA GCTTGATTAC	960
	AGATGAAGAA AAGAAATACT TTGAACAGCA GGCTAATGTC GAGTTAAGTC CAACATCAGA	1020
45	TATTTTACAG ATGGATGAAG CATTTGTTTG TTATGTTGCT ATGACTAGAG CTAAGGGAGA	1080
	TGTTACATTT TCTTACAGTC TAATGGGATC AAGTGGTGAT GATAAGGAGA TCAGCCCATT	1140
	TTTAAATCAA ATTCAATCAT TGTTCAACCA ATTGGAAATT ACTAACATTC CTCAATACCA	1200
50	TGAAGTTAAC CCATTGTCAC TAATGCAACA TGCTAAGCAA ACCAAAATTA CATTATTTGA	1260
	AGCATTGCGT GCTTGGTTAT ATGATGAAAT TGTGGCTGAT AGTTGGTTAG ATGCTTATCA	1320

EP 0 786 519 A2

	GTTTGACAAT	GAAACTGTAA	AATTAGGTGA	AACGTTGTCT	AAAGATTTAT	ATGGTAAGGA	1440
	AATCAATGCC	AGTGTATCCC	GTTTGAAGG	TTATCAACAA	TGCCCATTTA	AACACTATGC	1500
5	GTCACATGGT	CTGAAACTAA	ATGAGCGAAC	GAAGTATGAA	CTTCAAAACT	TTGATTTAGG	1560
	TGATATTTTC	CATTCTGTTT	TAAATATAT	ATCTGAACGT	ATTAATGGCG	ATTTTAAACA	1620
	ATTAGACCTG	AAAAAATAA	GACAATTAAC	GAATGAAGCA	TTGGAAGAAA	TTTACCTAA	1680
10	AGTTCAGTTT	AATTTATTAA	ATTCTTCAGC	TTACTATCGT	TATTTATCAA	GACGCATTGG	1740
	CGCTATTGTA	GAAACAACAC	TAAGCGCATT	AAAATATCAA	GGCACGTATT	CAAAGTTTAT	1800
	GCCAAAACAT	TTTGAGACAA	GTTTTAGAAG	GAAACCAAGA	ACAAATGACG	AATTAATTGC	1860
15	ACAAACATTA	ACGACAACCTC	AAGGTATTCC	AATTAATATT	AGAGGGCAAA	TTGACCGTAT	1920
	CGATACGTAT	ACAAAGAATG	ATACAAGTTT	TGTTAATATC	ATTGACTATA	AATCCTCTGA	1980
20	AGGTAGTGCG	ACACTTGATT	TAACGAAAGT	ATATTATGGT	ATGCAAATGC	AAATGATGAC	2040
	ATACATGGAT	ATCGTTTTAC	AAAATAAACA	ACGCCTTGGA	TTAACAGATA	TTGTGAACCA	2100
	GGTGGATTAT	TATACTTCCA	TGTACATGAA	CCTAGAATTA	AATTTAAATC	ATGGTCTGAT	2160
25	ATTGATGAAG	ATAAACTAGA	ACAAGATTTA	ATTAAAAAGT	TTAAGTTGAG	TGGTTTAGTT	2220
	AATGCAGACC	AAACTGTTAT	TGATGCATTG	GATATTCGTT	TAGAACCTAA	ATTCACCTCA	2280
	GATATTGTAC	CAGTTGGTTT	GAATAAAGAT	GGCTCTTTGA	GTAAACGAGG	CAGCCAAGTG	2340
30	GCAGATGAAG	CAACGATTTA	TAAATTCATC	CAACATAACA	AAGAGAATTT	TATAGAAACA	2400
	GCTTCAAATA	TTATGGATGG	ACATACTGAA	GTTGCACCAT	TAAAGTACAA	ACAAAAATTG	2460
	CCATGTGCTT	TTTGTAGTTA	TCAATCGGTA	TGTCATGTAG	ATGGCATGAT	TGATAGTAAG	2520
35	CGATATCGAA	CTGTAGATGA	AACAATAAAT	CCAATTGAAG	CAATTCAAAA	TATTAACATT	2580
	AATGATGAAT	TTGGGGGTGA	GCAATAGATG	ACAATTCCAG	AGAAACCACA	AGGCGTGATT	2640
40	TGGACTGACG	CGCAATGGCA	AAGTATTTAC	GCAACTGGAC	AAGATGTACT	TGTTGCAGCC	2700
	GCGGCAGGTT	CAGGTAAAAC	AGCTGTACTA	GTTGAGCGTA	TTATCCAAAA	GATTTTACGT	2760
	GATGGCATTG	ATGTCGATCG	ACTTTTAGTC	GTAACGTTTA	CAAACCTAAG	CGCACGTGAA	2820
45	ATGAAGCATC	GTGTAGACCA	ACGTATTCAA	GAGGCATCGA	TTGCTGATCC	TGCAAATGCA	2880
	CACTTGAAAA	ACCAACGCAT	CAAAATTCAT	CAAGCACAAA	TATCTACACT	CCATAGTTTT	2940
	TGCTTGAAAT	TAATTCAACA	GCATTATGAT	GTATTAAATA	TTGACCCGAA	CTTTAGAACA	3000
50	AGCAGTGAAG	CTGAAAATAT	TTTATTATTA	GAACAAACGA	TAGATGAGGT	CATAGAACAA	3060
	CATTACGATA	TCCTTGATCC	TGCTTTTATT	GAATTAACAG	AGCAATTGTC	TTCAGATAGA	3120

55

EP 0 786 519 A2

AATCCTACAA ATTGGTTGGA TCAATTGGTG ACACCATACG AAGAAGAAGC ACAACAAGCG 3240
 CAACTTATTC AACTACTAAC AGACTTATCT AAAGTATTTA TCACAGCTGC TTATGATGCT 3300
 5 TTAATAAGG CGTATGATT GTTTAGTATG ATGGATAGCG TCGATAAACA TTTAGCTGTT 3360
 ATAGAAGATG AACGACGTTT AATGGGGCGT GTTTTAGAAG GTGGCTTTAT TGATATACCT 3420
 TATTTAACTG GTCACGAATT TGGCGCGCGT TTGCCTAATG TAACAGCGAA AATTAAAGAA 3480
 10 GCAAATGAAA TGATGGTCGA TGCCTTAGAA GATGCTAAAC TTCAGTATAA AAAATATAAA 3540
 TCATTAATTG ATAAAGTGAA GAGTGATTAC TTTTCAAGAG AAGCTGATGA TTTGAAAGCT 3600
 GATATGCAAC AATTGGCGCC ACGAGTAAAG TACCTTGC GC GTATTGTGAA AGATGTTATG 3660
 15 TCAGAATTCA ATCGAAAAA GCGTAGCAAA AATATTTTGG ATTTTCTGA TTATGAACAT 3720
 TTTGCATTAC AAATTTTAA TAATGAGGAT GGTTGCGCTT CAGAAATTGC CGAATCATAC 3780
 CGTCAACACT TCCAAGAAAT ATTGGTCGAT GAGTATCAAG ATACGAACCG AGTTCAAGAG 3840
 20 AAAATACTAT CTTGCATCAA AACGGGTGAT GAACATAATG GTAATTTATT TATGGTTGGA 3900
 GATGTTAAGC AATCCATTTA TAAATTTAGA CAAGCTGATC CAAGTTTATT TATTGAAAAG 3960
 25 TATCAACGCT TACTATAGA TGGAGATGGC ACTGGACGTC GAATTGATTT GTCGCAAAAC 4020
 TTCCGTTCTC GAAAAGAAGT ACTGTCAACG ACTAACTATA TATTCAAACA TATGATGGAT 4080
 GAACAAGTCG GTGAAGTAAA ATATGATGAA GCGGCACAGT TGTATTATGG TGCACCATAT 4140
 30 GATGAATCGG ACCATCCaGT AACTTAAAA GTCCTTGTTG AAGCGGATCA AGAACATAGT 4200
 GATTTAACTG GTAGTGAACA AGAAGCGCAT TTTATAGTAG AACAAAGTTAA AGATATCTTA 4260
 GAACATCAAA AAGTTTATGA TATGAAAACA GGAAGCTATA GAAGTGGCAG ATACAAGGAT 4320
 35 ATCGTTATTC TAGAACGCAG CTTTGGACAA GCTCGCAATT TACAACAAGC CTTTAAAAAT 4380
 GAAGATATTC CATTCCATGT GAATAGTCGT GAAGGTTACT TTGAACAAAC AGAAGTCCGC 4440
 TTAGTATTAT CATTTTAAAG AGCGATAGAT AATCCATTAC AAGATATTTA TTTAGTTGGG 4500
 40 TTAATGCGCT CCGTTATATA TCAGTTCAAA GAAGACGAAT TAGCTCAAAT TAGAATATTG 4560
 AGTCCAAATG ATGACTACTT CTATCAATCG ATTG 4594

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 201:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6313 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	GGTTTTChTG GAAAGATAGT GAAAATCTCG TGTTTTTTGG TTTTgAGGTG TTGTTTGTAT	60
	TTTaTAAAAAT GGCTTACATA TATGAAGCGT TGATTAAGTA TGGAATTGTT AATTAATTGA	120
5	ACCTATTTAG CTTTAAGAAG GCATAACAAG ATGACCTTAT TTTATGCTAT AATATTTCTA	180
	TTATGCGAAG ATTAAGGTGA GTAGTAAATT GGATAAAAAA GTAAGTATTC AAACAAAGCA	240
	AGTGTGAAA CAGCACAAAG AAAAAGAAAA ATTTGAATTT ACTACTGAAG GAACTTGGCA	300
10	ACAAAGGCAA TCTAACTTTA TTCGGTATGT AGAACAAATT GAGGATGCAA CAGTTAATGT	360
	TACAATAAAA GTGGATGATG ATAGCGTTAA GTTGATTCTG AAAGGCGACA TTAATATGAA	420
	TTTGCATTTT GTTGAAGGAC AAACGACAAC AACTTTTTTAC GATATATCGG CTGGACGAAT	480
15	TCCACTAGAA GTTAAACAT TACGCATTTT ACATTTCTGTA AGTGGAGACG GTGGCAAGCT	540
	AAAGATTCAT TATGAATTAT ATCAAGATAA TGAAAAAATG GGTTCTTATC AATATGAAAT	600
20	TAAGTATAAG GAGATAGGCG AATGAATATT ATTGATCAAG TGAAACAAAC ATTAGTAGAA	660
	GAAATTGCAG CAAGTATTAA CAAAGCAGGA TTAGCAGATG AGATTCCTGA TATTAAATTT	720
	GAAGTTCCTA AAGATACAAA AAATGGAGAT TATGCTACTA ATATTGCGAT GGTACTGACT	780
25	AAGATTGCAA AGCGTAATCC TCGTGAAATT GCTCAAGCGA TTGTTGATAA CTTAGATACT	840
	GAAAAAGCAC ATGTAAAACA AATTGACATT GCTGGTCCAG GATTCATTAA TTTTACTTA	900
	GATAATCACT ATTTAACAGC AATTATTCCT GAAGCAATTG AAAAAGGTGA TCAATTTGGA	960
30	CATGTAAATG AATCAAAAGG TCAAAATGTA TTGCTTGAGT ATGTTTCAGC TAACCCCTACA	1020
	GGAGATTTAC ATATTGGTCA TGCTAGAAAT GCAGCAGTTG GTGATGCTTT AgcTAAtATT	1080
	TTAACTGCAG CTGGCTATAA TGTAACACGT GAATATTATA TTAATGATGC TGGTAATCAA	1140
35	ATTACTAACT TAGCGCGTTC GATTGAAACA CGTTTCTTTG AAGCTTTAGG TGACAATAGT	1200
	TATTCaATGC CAGAAGATGG CTATAATGGA AAAGATATTA TTGAAATAGG TAAAGATTTA	1260
	GCAGAGAAAC ACCCTGAAAT TAAAGATTAT TCTGAAGAAG CACGTTTGAA AGAATTTAGA	1320
40	AAATTAGGCG TAGAATACGA AATGGCTAAA TTGAAAAATG ATTTAGCAGA GTTCAATACG	1380
	CATTTTGATA ATTGGTTTAG TGAAaCATCT TTATATGAAA AAGGAGAAAT TCTTGAAGTT	1440
45	TTAGCAAAAA TGAAAGAATT AGGTTATACG TATGAAGCTG ATGGCGCTAC ATGGTTACGT	1500
	ACAAC TGATT TTAAGACGA CAAAGACAGA GTATTAATTA AAAATGACGG TACATATACG	1560
	TATTTCTTAC CAGATATTGC GTACCACTTC GATAAAGTAA AACGTGGTAA TGACATTTTA	1620
50	ATCGATTTAT TTGGTGCTGA TCATCATGGT TATATTAATC GTTTGAAAGC ATCTCTTGAA	1680
	ACGTTTGGTG TAGATAGTAA TCGTTTAGAA ATTCAAATCA TGCAAATGGT TCGTTTAATG	1740

55

EP 0 786 519 A2

	ATTATGGACG AaGTTGGCGT TGACGCTGCA CGTTATTTCT TAACTATGCG TagTCCTGAT	1860
	AGTCACTTTG ATTTTGATAT GGAATTAGCG AAAGAGCAAT CTCAAGACAA TCCAGTTTAC	1920
5	TATGCTCAAT ATGCACATGC GCGTATTTGT TCAATTTTAA AACAAGCGAA AGAGCAAGGT	1980
	ATTGAAGTGA CTGCTGCGAA TGATTTTACA ACGATTACTA ATGAAAAAGC GATTGAATTG	2040
	TTGAAAAAAG TAGCTGATTT CGAACCTACA ATTGAAAGTG CTGCTGAGCA TAGATCGGCA	2100
10	CATAGAATTA CTAATTATAT TCAAGATTTA GCTTCTCATT TCCATAAATT CTATAATGCT	2160
	GAAAAAGTGT TAACAGATGA TATTGAAAAA ACAAAGCAC ATGTTGCTAT GATTGAAGCG	2220
15	GTCAGAATTA CATTGAAAAA TGCATTGGCA ATGGTCGGTG TAAGCGCACC TGAATCAATG	2280
	TAAGAACATT TATATACACT CCAACGTAGA GTTTCTCGAA AGATACTTTG TGTGGAGTG	2340
	TTTTTTTTAG GTATGTGACA TATTGGGGAA TGCTTAGTAT GTGAATAAGG TTAAGAGGAA	2400
20	CACAGTTGGA TGCTCTGCAC AACTGCATAA GAGAGCCTGA GACATAAATC AATGTTCTAT	2460
	GCTCTACAAA GTTATAATGG CAGTAGTTGA CTGAACGAAA ATTCGCTTGT AACAAGCTTT	2520
	TTTCAATTCT AGTCAACCTT GCCGGCGGGG CCCCACAAA GAGAAATTGG ATTCCCAATT	2580
25	TCTACAGACA ATGCAAGTTG GGGTGGGACG ACGAAATAAA TTTTACGATA ATATCATTTT	2640
	TGTCCCACTC CCTCTAAAAT GGAGGGTGTA AATGTTAGGA ACTGATGAAT TATATAAAGT	2700
	TTTATATGAA CATCTCGGAC CACAATTTTG GTGGCCTGCT GATAATGACA TTGAAATGAT	2760
30	GTTAGGTGCA ATTTTAGTTC AAAATACTAG ATGGCGAAAT GCAGAAATTG CATTGAATCA	2820
	GATTAAAGAA CATACGCATT TTAATCCAAA TCATATATTA GAACTACCTA TTGAAACGTT	2880
	ACAATCATTG ATACATTCAA GTGGCTTTTA TAAAGTAAA TCACTGACGA TTAAACATT	2940
35	ATTAACATGG TTAGCAGGAC ATCATTTCOA TTATCAAGAG ATTAATGAGC GATATAAAGG	3000
	TGGATTAAAGA AAAGAATTAT TATCTTTGAA AGGTATTGGA AGTGAAACAG CAGATGTCTT	3060
40	ACTTGTTTAT ATATTCGGAC GTATTGAATT TATTCCAGAT AGCTATACAA GAAAAATATA	3120
	TGATAAATTA GGATATGAAA AACTAATAAA TTATGATCAA TTAAAAAAG TAGTCaCATT	3180
	ACCAATCAT TTTACAAATC AAGATGCTAA TGAATTTTAT GCTCTGTTAG ATGTATTTGG	3240
45	TAAACATTAC TTTAGAGACA AAGATATAAA GAATTATGAT TTTTLAGAAC CTTACTTTAA	3300
	AAAGTAAACG CTGTGAAGTT AGATAGATGA GTTTATATGA AATATAAAAA ATAATTTACT	3360
	ATTTTCTTTT AGTATGTGGA CTTATATAAT AAATAGAAGC ATATAAGAA AAAACAGTT	3420
50	GTTTGTTTGT GCAGCAACTG CATAAGAGCC CCTAATCGCT AAAGCTCAAG GGGAGTAAAG	3480
	GAATACAGTT GTTGTGCAG CAACTGCATA AAAGCCTCTA ATCACTAAAG GTGAAGAGGA	3540

55

EP 0 786 519 A2

	AACGCAGTTG	GATgCTACCG	CACAACTGCA	TAAATCCCTC	TaATCgcTAA	AGCGAAAAGT	3660
	GGGATTAAAA	AGGAGATGTG	ATAGTGTGAA	GAAATCGTTA	ATTGCTTTTA	TTTTGATTTT	3720
5	TATGCTTGTC	CTGAGTGGCT	GTGGTATGAA	AGATAATGAT	AAACAAGGTA	GCAATGATAA	3780
	TGGCTCGTCT	AAATCGCCGT	ACCATAGAAT	TGTTTCGTTA	ATGCCTAGTA	ATACTGAAAT	3840
	TTTATATGAA	TTAGGATTAG	GTAAATACAT	AGTTGGTGTT	TCAACGGTTG	ATGATTATCC	3900
10	AAAAGATGTG	AAAAAGGGTA	AGAAACAATT	TGATGCTTTG	AATCTAAATA	AAGAGGAACT	3960
	TTTAAAGGCA	AAGCCAGATC	TAATTCTTGC	GCATGAGTCG	CAAAAGGCAA	CTGCTAATAA	4020
15	AGTATTGTCA	TCATTAGAGA	AACAAGGCAT	CAAAGTAGTG	TATGTTAAAG	ATGCACAATC	4080
	AATTGATGAA	ACTTACAACA	CATTTAAGCA	AATTGGGAAA	TTAACGCATC	ATGATAAGCA	4140
	GGCTGAACAA	CTTGTTGAGG	AAACTAAAGA	TAATATCGAT	AAAGTCATAG	ATTCAATTCC	4200
20	TGCTCATCAT	AAAAAATCAA	AAGTATTTAT	TGAGGTTTCA	TCAAAGCCTG	AAATATATAC	4260
	AGCAGGGAAG	CATACATTTT	TTAATGATAT	GTTAGAAAAA	TTAGAAGCCC	AAAATGTGTA	4320
	TAGTGACATT	AATGGTTGGA	ACCCTGTAAC	GAAGGAAAGT	ATTATTAAAA	AGAACCCAGA	4380
25	TATATTAATT	TCGACGGAAG	CTAAGACAAG	ATCAGATTAT	ATGGATATCA	TCAAAAAAAG	4440
	AGGTGGATTC	AATAAAATTA	ATGCTGTCAA	GAATACACGT	ATTGAAGTTG	TAAATGGTGA	4500
	TGAAGTATCA	AGACCAGGTC	CACGTATTGA	TGAAGGATTA	AAAGAATTAA	GAGATGCAAT	4560
30	TTATAGAAAA	TAAACCATTC	TAATTATGCC	CCTTATTGCT	ACATGTAAAA	AATACATGTT	4620
	TGAGATAAGG	GGTTTTTaAA	ATATATTTAG	TGAATGATAG	CAACGCGAGT	ATGTGATTGC	4680
	TATAATGAAT	GTAATTATCG	ATGAacaaAA	GAGAATGCTA	TGACATTTAA	TAAAGTATTA	4740
35	TTGAGCTGGa	TAGTCmTATT	GATTATAACA	ACTAGCATAT	ATCTATTTTG	GCAGTTGGGC	4800
	GATATCAATG	ATGTATTTAA	CCAGTCTATT	TTAATCAATG	TTAGATTACC	GAGATTATTA	4860
	GAAGCATTGT	TGACAGGTAT	GATATTAAct	GTTGCAGGCC	TTATATTTCA	AACAGTTTAA	4920
40	AATAATGCAT	TGGCAGATAG	CTTTACATTA	GGATTGGCAA	GCGGCGCTAC	ATTTGGTTCA	4980
	GGATTAGCAT	TATTTTTAGG	TTTAACAACG	TTATGGATTG	CTGTATTTTC	AATAACATTT	5040
45	AGTTTGATAA	CATTAATAAC	TGTATTAGTC	ATTACGTCGG	TATTGAGCCA	AGGCTATCCA	5100
	GTTAGAATCT	TAATATTAAG	TGGTTTAATG	ATTGGTGCCT	TATTCAATTC	ACTTCTATAT	5160
	TTTTTGATTT	TATTAAAACC	TCGCAAATTA	AATACAATTG	CCAATTATCT	GTTTGGTGGT	5220
50	TTTGGTGATG	CAGAATACTC	AAATGTATCT	ATAATAGCAA	TCACATTTAT	CATTGCATTG	5280
	TTTGGTATAT	TTATCATTCT	TAATCAACTA	AAGTTATTGC	AATTAGGAGA	ACTAAAAAGT	5340

55

EP 0 786 519 A2

ATAACGGCGA TAAATGTCGC ATATGTTGGC ATCATTGGAT TCATTGGTAT GGTGATACCG 5460
 cAACTCATTa GAAAATGGCA GTGGAAACAA TCATTAGGAA GACAATTGGC TTAAATATT 5520
 5 GTAAC TGGAG GACAAATAAT GGT TATGGCA GATTTTATTG GTAGCCATAT ATTGTCACCA 5580
 GTACAAATAC CGGCAAGTAT TATCATTGCA TTAATTGGTA TACCAGTGTT AtTTTACaTG 5640
 CkAAwAtCtC aGTCgAAAcG GTTACaCTAG CACACGACaT TTGCTAAAAT AAAAATAACT 5700
 10 ATAAACATAA AGAGGGCATA AGCGATGGAT TTGAATCAAA TTAAAGCAGT TGTATTTGAT 5760
 TTAGAAGGTA CGTTGTTGGA CAGAGTTAAA TCTCGAGAGA AATTTATCGA AGAGCAATAT 5820
 GAACGATTTTc ATGACTACTT AATTCATGTT CAACTGGCAG ATTTTAAAAA AgCATTtATT 5880
 15 GAGCTAGATG ACGATGAAGA TAATGATAAA CCTGATTTAT ATAAAGAAAT CATTAAACGT 5940
 TTCCATGTAG ATAGGTTAAC TTGGAAAGAC TTATTTAATG ATTTTGAAAT GCATTTTTAT 6000
 CGTTATGTAT TTCCTTATTA CGATACTTTG TATACACTAG AAAAgCTATC GCAAAAAGGC 6060
 20 TTTCAAATTG GTGTTATCGC AAATGGTAAA TCTAAGATTA AACAATTTcG ATTACATTCA 6120
 CTGGTTTGA TGCATGTTAT TAATTATTTA TCAACATCAG AAACAGTTGG TTTTCGTAAA 6180
 CCACATCCTA AAATTTTGA AGATATGATT GATCAACTAG GGGTATTACC TGAGCAAATT 6240
 25 ATGTATGTTG GCGATGATGC GTTAAATGAT GTAGCTCCAG CACGAGCTAT GGGCATGGTT 6300
 AGTGTATGGT ATA 6313

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 202:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2174 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 202:

40 CCGTAAACAC ATCAACAAAA GAAGGCTATA TTACAAAAGA AGACTTGGAC TTATGCTGCA 60
 CGTCGCTCTA ATTCAGCTGG AATGCAAGTC ACCGGACGAC TGGCTTACAT TGAACCTTAT 120
 GGGGCAACAA GTCGCACAAA ATAAACGCGC GAGAAGCaAG AATAGGAAGT GATATCTATG 180
 45 AAATGGTTAT CACGAATATT AACAGTAATA GTGACCATGT CtATGGcGTG TGGTGCATTG 240
 ATATTTAATC GTAGACATCA GCTAAAGGCG AAAACGCTGA ACTTCAATCA TAAAGCATTa 300
 ACAATTATTA TTCCGGCTAG AAACGAAGAA AAAAGAATAG GTCATTTACT ACATTcGATA 360
 50 ATACAACAGC AAGTTCCAGT AGATGTCATT GTTATGAATG ACGGATCGAC AGATGAAACA 420

55

EP 0 786 519 A2

AAATGGTATG GGAAATCACA TGCTTGTTAT CAAGGTGTGA CGCATGCATG TACGAATCCG 540
 ATTGCCTTTG TAGATGCTGA TGTAACTTTC TTAAGGAAAG ATGCTGTTGA AACGTTGATT 600
 5 AATCAGTATC AATTACAAGG TGAAAAAGGA TTGTTAAGCG TACAGCCTTA TCATATAACA 660
 AAGCGTTTCT ACGAAGGGTT TTCAGCGATA TTTAATTTAA TGACAGTCGT TGGTATGAAT 720
 GTATTTTCTA CCTTAGACGA CGGTCGGA CT AACCAGCATG CATTTGGACC GGTGACATTA 780
 10 ACAAATAAAG AAGATTATTA TGCAACTGGA GGTCATAAAA GTGCAAACCG TCATATTATT 840
 GAAGGATTG CTTTAGGAAG TGATATACT TCACAATCAT TGCCCGTAAC AGTTTATGAA 900
 GGGTTTCCAT TTGTTGCATT TCGCATGTAT CAAGAAGGAT TTCAGTCATT ACAAGAAGGA 960
 15 TGGACAAAGC ATTTGTCAAC TGGGGCAGGT GGCACAAAGC CTAAGATCAT GACAGCAATT 1020
 GTGTTGTGGT TGTTTGGTTC TATAGCGAGT ATTTTAGGGC TATGTCTTAG TTTAAATAT 1080
 CGCCAAATGT CTGTAAGAAA AATGGTAGCA CTTTACTTGA GCTATACTAC ACAATTTATT 1140
 20 TATCTGCATC GAAGGGTCGG CCAATTTTCT AATTTATTAA TGGTATGTCA TCCATTGTTA 1200
 TTTATGTTTT TTAATAAAT TTTCATCCAA TCTTGGAAC AAACGCATCG TTATGGTGTA 1260
 25 GTTGAATGGA AAGGTCGTCA ATATTCTATA TCTAAAGAAC AATAAATCAA GGTAATGGCA 1320
 TTTCAATATA GGAGGACTAG TATGACAATG ATGGATATGA ATTTTAAATA TTGTCATAAA 1380
 ATCATGAAGA AACATTCAAA AAGCTTTTCT TACGCTTTTG ACTTGTTACC AGAAGATCAA 1440
 30 AGAAAAGCGG TTTGGGCAAT TTATGCTGTG TGTCGTAAAA TTGATGACAG TATAGATGTT 1500
 TATGGCGATA TTCAATTTTT AAATCAAATA AAAGAAGATA TACAATCTAT TGAAAAATAC 1560
 CCATATGAAC ATCATCACTT TCAAAGTGAT CGTAGAATCA TGATGGCGCT TCAGCATGTT 1620
 35 GCACAACATA AAAATATCGC CTTTCAATCT TTTTATAATC TCATTGATAC TGTATATAAA 1680
 GATCAACATT TTACAATGTT TGAAACGGAC GCTGAATTAT TCGGATATTG TTATGGTGTT 1740
 GCTGGTACAG TAGGTGAAGT ATGACGCCG ATTTTAAGTG ATCATGAAAC ACATCAGACA 1800
 40 TACGATGTG CAAGAAGACT TGGTGAATCG TTGCAATTGA TTAATATATT AAGAGATGTC 1860
 GGTGAAGATT TTGACAATGA ACGGATATAT TTTAGTAAGC AACGATTAAA GCAATATGAA 1920
 45 GTTGATATTG CTGAAGTGTA CCAAAATGGT GTTAATAATC ATTATATTGA CTTATGGGAA 1980
 TATTATGCAG CTATCGCAGA AAAAGATTTT CAAGATGTTA TGGATCAAAT CAAAGTATTT 2040
 AGTATTGAAG CACAACCAAT CATAGAATTA GCAGCACGTA TATATATTGA AATACTGGAC 2100
 50 GAaGTGAGaC AGGCTAACTA TACATTACAT GAACGTGTTT TTGTGGaTAA GAGGAAAAAG 2160
 GCAAAGTTGT TTCA 2174

55

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4715 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 203:

10	GAAnCAGnTA GACAAATTAT GGaAAmCGGT GTGAATCaAG GATTCTtTGG TGTAGCTGGT	60
	TTTGACCTAC TCGTCGATGA GGATGATAAC GTTTATGCGA TTGATTtAAA CTTTAGACAA	120
15	AATGGTTCaA CGAGCATGTT ATTACTTGCT AACGAGTTGA ATTCAGGATA TCAAAAGTTT	180
	TATAGTTATC ATTCAAAAGG TGATAACACA CATTTCTTCA ATACGATTTT GAAATATGTC	240
	AAAGAAGGTA GTTTATACCC GTTATCTTAT TATGATGGTG ATTGGTACGG TGAAGATAAA	300
20	GTTAAATCAA GGTtTGGCTG TATTTGGCAT GGTGATTCAA AAGAAACAGT ACTGGAGAAT	360
	GAACGCGCAT TTTTAGCTGA ACTTGAACAC TATTAGAGTT CGGAACATAA GCGCTACAA	420
	TGTTGTGTG CCAGTAGTTG ACTGAATATG CGTTTGTAAc AAGCTTTTTT CGATTCTAGT	480
25	CAACAGTAAT TAAATTTATG ATATGGCAAT ACTTTGTAAT ACTAATATTA AATGGCGACT	540
	TTTATTTcAC TATGTTATAA GAGTTGCCAT TTTGTTGATA AAGGTATACT AAAGGTTATC	600
	GTTTTGAAAT TTTTAGTAAC TAGATATGTT TCGTGTtATA GACCGAATTT GTGTATACGT	660
30	AAAATTTAAT GCTATTGAAT TTTTAAAATG AAAACATGA CATTAAATTG AATTCATAAT	720
	ATGTCTAATT GACTAACTTG TTGGAGTCAT TtACTATTTT ATGTATGACA TATTTTAAAA	780
	AGTGAGGGTC AAGCATGTCT TATAAAGCAT ATCCATTCTT TAGAGATATA TTAATAAATG	840
35	AATGTATTTA TTTCGCTCT AAAAATAAAA AACTAGTACG CCTAAATTAT AAAAGTGAAG	900
	CgNATGTAGG CGTTTGGACA GAAGAAAGTG TGGCCGTATC ATTTTTAAcA AGTCGTGATA	960
	TTCCATTTGA TAAAGTTGTA AAAATGGACG TTGATCGTTT TGCTACTTAT GAATTAGATG	1020
40	AATTGTTTGA TGAACAAGAC CATATTATTA TGAATCAAAC AATGGAAGAw GAAGGGCATC	1080
	TACTAAACGT TGTAGCTGTT ACACAAGAAG TGATGACGGA ATTAGATAAA ATTAGAATCA	1140
45	AAGAATTTGT CCAAGATGTA GCGAAATATG ATGAAGTATA CGGCTTAACT AAAAAAGGTA	1200
	GTAAGCAGTT TATTCTCATT AGTGAAAAATG ATAGCGACGA AAAAAAGCCG CATATTATGC	1260
	CTGTATGGAG TATTAAAAAC AGAGCGTTAA AAGTTCGAGA TGAAGATTTT GAAGAGTGTG	1320
50	ATTTAATTAC GATTGAAGGT TCTGTTTTCG GAGAATGGCT AGATGAACtT AGAGATGATC	1380
	ATAAAGCCGT TGCGATAGAT TTAAAAACTG GCGTGGTTGG TACAATTGTT TCAGCGCAAA	1440

55

EP 0 786 519 A2

	ATGGAACAAT ACGTATTCAA AACACTTAGA CCATAAAATA AAAGGCCATT TATATAGCGT	1560
	TTATTTAAAA CAACGCGCAT ATAAATGGTC TTTTCTATT TTTCTAAATA TAATGCACCA	1620
5	ATAGCACCTG AAAAAATGCGC CGTTTTCAAC ATAGTACGGT TTGCAACCGC GTAACACAGT	1680
	ATAATCTTCC ACAACTTTGC GTAATAAAGC GTTATTATGA AATGAAGAAC CGATATAAAC	1740
	GATATTTTCA GTTTTAAATT CACGTGCAAC AGTAATGGCC ATTGTCGTAA CAACTTCGCC	1800
10	AACGACACCA ATAACGGCTG CTAATTTATT GCTAGGTGTA AAATCAGCAT CTAAATGATG	1860
	TAGTACATGA CCAAATTAG CTGCTGTAA ATCACCAGGA ATGGGTGGTT CGGTATCTTT	1920
	ATAAATATGT CTAACCTTTA AATCGATAGT GTTACGATCA CCGTGTGTG CCATGTCAGT	1980
15	TAATGTTTTA TAATCAGTGA TTTGACTTAG TAAATAACCG AGTCCTTGAA TCATGCCTCC	2040
	ACCTGTACCG ATACCGCCTA CACGACGTTG TGATTGGCCG TCGAAATAAT GTAGTGACGT	2100
20	ACCGGTACCA ACATTTGCAA AAATATAATC TGCTAAGTCA TGGCCTTGCT CTTTAAACAA	2160
	AATACCTAGT CCTTGAGATG CAGCATCAAA CTCTACAAA ATTTGTGCAG GAATGTTGAT	2220
	GTTTTAGCA ATGACACCTG CATTACCTCC AGTTAAGCAT AATTTTTCAA TTTGCTGTTG	2280
25	GTTTAAACCAT TCCACAACCT GATCAATATT TTTAGTTAAT TCAGTTTTAA AAGTACGTTG	2340
	GTTATCTTGC TCTTGAACGA TTTTAATTAG TGTACCGCCA GCGTCAATGC CAACTTTCAT	2400
	AAGATTCCCA CCTCATTATT AATGTCTATC CTTAAATAAT AGTATAGTAA AATGACTAAA	2460
30	AAACAAGTAA TAATAGTAAT TATTAACAAA TTTGATGCCa TTGCATTTCa ACATTGTAAG	2520
	cGTATCGCAA TTAAtGTTTT ACAACGTTG ACGTTAAGTt ATATATATTA TTTTCTAGGA	2580
	ATTTTGAAGT TGTATAGGAT TGTTAGTTAG TGACGCAATA TTAAAGTAG TTCGTACGCA	2640
35	GTGTATTTGT AAGTCTCTGA TTAAATGAT AAGTAATGAG GAATAGTACA TTAATTTTGA	2700
	AATTTAAAA ATATAAATAA GTAATTTATT TAACTTAGAG CAAATAATGG TATCGTAGTG	2760
40	AAATAATAGG TAAATAATA TGGGGATTCA TGCTTCATAT ATAAAAGAT AGGGGTTAAA	2820
	TATATGGCTA AAGAACTTTG TTTGAAGGT ATCACTTTAA AAGCATTTGA TGAACAATAT	2880
	CGTTCAGCAA TTAATGATTT TGACTTGAAT GAAAGACAAC AAATATATTC ATCTTTACCT	2940
45	AAAGAAGTTA TTGATGATGC AATTAATGAT GCTGATAGGA TTGCTAACGT AGCAwTAAmC	3000
	GATAAAAATG AAGTGGTGGG CTTTTTTGTA TTACATCGTT ACTATCAGCA TGAAGGTTAT	3060
	GATACACCTG AAAATGTCGT TTATATTCGT TCATTATCGA TTAATGAAAA ATATCAAGGT	3120
50	TTTGATATG GCACGAAAAT AATGATGTCA TTGCCGCAAT ATGTTCAAGG TGTATTTCTT	3180
	GATTTTAATC ATCTATATCT AGTAGTAGAT GCGGAAAATG ACAATGCTTG GAACCTATAC	3240

55

CTATATTACT TGGACTTAGA TTCAAAACAT GTTTCATCAT TAAAGCTTGA AGAAGAAAGT 3360
 CGTTCAGAAG TGACCAATGT ACATATCATT AATTTAATGA TTGATGGCCA AAAGGTGGC 3420
 5 TTTATCGCAT TGGAGCAGAT TGGTGAACGC ATGAACATTG CTGCTATTGA AGTGGATAAA 3480
 TCATATCGCT TTAATGGTAT TGGTTCAAGT GCTCTGCGAC AATTGCCAAC TTACTIONAAGA 3540
 AAAAAGTATG ACAACCTTAA TGTGATTACG ATGATTCTGT TTGGAGAGAA TAATGATTTT 3600
 10 AAACCATTAT GTTTAAATAG TAATTTGCTT GAAATCGAAC AACTGATGA TTATGTCGTT 3660
 TTCGAAAAAT ATTTAAATTA CTAACAGTGA TTGCGAAATA TGATATTGTC ATTTATAATT 3720
 TAGTTTTGTT ACTATATATA AATGAATTCA GACGTATAAA TTTAGATTAT ATCCTTCGAA 3780
 15 AGGAAGTATT GGGCAATGAA AATTCAAGAT TATACAAAAC AAATGGTTGA TGAAAAATCA 3840
 TTTATTGATA TGGCTTATAC ATTATTGAAT GATAAAGGCG AAACAATGAm mTTATATGAT 3900
 20 ATyATCGATG AATTTAGAGC GTTAGGTGAT TATGAGTACG AAGAAATTGA AAATCGTGTT 3960
 GTACAATTTT ACACGGATTT AAACACAGAT GGTGTTTTTT TAAATGTTGG AGAAAATTTA 4020
 TGGGGATTAC GTGATTGGTA TTCGGTAGAT GATATTGAAG AGAAAATCGC ACCAACTATT 4080
 25 CAAAAATTCG ATATTCTGGA TGCAGATGAT GAAGAAGATC AAAACITAAA ATTATTGGGC 4140
 GAAGATGAAA TGGATGACGA CGATGATATT CCAGCTCAA CAGATGATCA AGAAGAACTA 4200
 AATGATCCAG AAGATGAGCA GGTGAAGAA GAAATCAATC ATTCGGATAT AGTCATTGAA 4260
 30 GAAGATGAAG ATGAACTAGA CGAAGACGAA GAAGTGTTTG AAGACGAAGA AGACTTCAAC 4320
 GATTAATTTT TTGTTTGACTION TTTAGTTGAA AGATGATAAA ATTTTATTCG GGCTCCTTTA 4380
 AATAGGACAC GTGTATAAAA TTTATACGCT CCCCTTACAG AATTTGTGAG AGGGAGCGTT 4440
 35 TTTTtATTTA ATTGAGTAAA TCAAGAAATG ATAACGCAAA AATCAAAGTT GTAAATGATA 4500
 TACATAGTGA CATAGCAGTA TGGAAACGGT AAGTAAACAG AATTTAATTT TGTGAtTCG 4560
 40 ACAAtAAaCA aCTtGAaTGA GCTTGCTTTA ATGTTATGTn nTACGTAATT TTTACAATTG 4620
 ATGAGGAAGC ATTCCCTTTA ATAATTAGGA GGTCAAGACA TGACAAAATT TATTTTTGTA 4680
 ACAGGTGGCG TAGTTTCATC CATTAGGGGA AGGGT 4715

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 204:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAATAACTG AAATTAAAT TGCTAAATmG TGTTaAgCTA TCGCmACAAT GAAAATwCCG 60
 ATTTTGCgTT GTTGAAAATA TCTTTCCAAA CCAAGAATCG ATAATGGCAA TAAATATAAT 120
 5 AAATTTCCAT AAAATGACCA AGTAAAATTA AAGTATATAA CGACAGTTGA CATGCCGTAT 180
 AAAATCGTAG CGATCATATT TGCTGAGCGT TTAAAGTGTA ATATTTTAAA TAAGTAGAAG 240
 GTCACGACAA ATGTTATGAT AGCTCGTATC ATAGCCATAA TAAGTTGGTT TGTCGGCCAA 300
 10 AAATGTATTG TCGTCGGATT AAATATACCA ACCGTTTCTC CTATTTTAAAT GAAKAGAAAA 360
 TTTAGCCACA TTAAAGGTGA CAGCGAATAA TAATnTGATA GTCCTTTCAT ATAATCGCCA 420
 CCTAmTCCAA ACGATGCATC ATrTAACTA GAAnAACTAC GTAGATGTTT ATACAnATAC 480
 15 ATTTGAAATG GCATCATTG ACGGAATCCA TCTCCAGCCC CGCTAAAAAC AGTACCATTG 540
 ACAATATAAT CATAGATATG AGTAGAAAAT AAAATAAGCG TTAATATTAC ACTAATGAAA 600
 GTTATAACAA AGAATTGTTT GACGTTTGAA TTTAGCCACT TTTTAAACAC AACATTATCC 660
 20 TCAACTTTCA AATTTAAAT TAAGTTTAACT TGAAACTAAA GTTAATGAGG TTCTTGATAG 720
 GTAAAGACGA AGATGACTGT GGAACAGATA CCTATCATA GTTACTTAAA CTTTGATCA 780
 25 TTTTCAGTTT ATCATTAAAC AAATATATTG AATAATAAAa aTGTCATACT GATAAAGATG 840
 AATGTCACCTT AATAAGTAAC TTAGaTTTAA CAAATGATGA TTTTAAATTG TAGAAAACCTT 900
 GAAATAATCA CkTATACC 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 205:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 16397 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 205:

TCGCCCNATA ATCAATTTAT TTTTCATGTG CCACTCCTAT ACAAGCTnAC AATGCTTCTT 60
 CAGTTAAGGC AATATCTTTT AATTTTGTGTT GATATTTTTG TTCAAAGTCA TATTGTAAC 120
 45 GAACAATTTT TGGCAAACCA ATATGCCAAT CCGCCAATTT TTTTTTayCT TtGAAGAGCT 180
 CTTTTGGTGA TGkTTGcGAC ACTATACTAC CTTCTTTCAT AACGATGACT TCATCTGCAT 240
 AACGCGCGAC TTCATTGATA TCATGTGAAA TTAGGATAAT TGCCTTATTT TCATCTGTTT 300
 50 GTAGTACTT TAGTAATCTC ATTACTTGTC GTTTACTTTG TGGATCAAGT CCTGCTGTAG 360
 GTTCATCAAC CACGATAATA TCAGGATTCA TTGCCAATAT CGATACAATC GCTATTTTAC 420

EP 0 786 519 A2

	AATCCATCAA CAGACGATGG GCATAGTTTT TGGCTTCATC TAAATTCATT TTAAAGTTTT	540
	TAGGTCCAAA TATCATTTCA CGCTCTACTG TGTCTCATAA TAATTGAGAT TCGGGAAATT	600
5	GAAATACCAT TCCAATTCTT TTTCTTACAG GTCTAATATA TTTATCTTTG GTCTTATGTG	660
	TAATAGTAAT GTCATCAACT GTAACGTGCC CAGTAGTCGG CTTTAACAGC GCATTAATAT	720
	TTTGTATCAA CGTTGATTGA CCACTACCCG TTTGTCCAAC GATGGCGTAA TATTTACCTT	780
10	GTTCAAATTC TGTATTAAAC TCATGAATAG CTTGATGCTG ATATGGTGTC CCTTTTGTAT	840
	AGGTATAACT TACATTGTCA AACCGTATAG TCATAGTTGA TCCACCAGCC CTTCATAAGT	900
	TAAGAATGAT GTTTGGTGTC CCAGCATTTG ATTTATTTTG ATTGGGAATG GCAAATCTAG	960
15	ACCTATTCTT GTTAACTCTT CTGCATTGTC GAAAATTTCA GTCGCTGTGC CTTCTTTATA	1020
	GACAGTCCCT TTATTCATAA CGATAACATG ATCTGCTTCC ATCGCCTCAG ATAAATCATG	1080
	CGTAATAGAA ATGATTGTAA TATTATGTTT TGATTTAACT TTTCTCACTA AATCCAATAA	1140
20	ATTTTGACGT GCATCAGGAT CTAACATAGA AGTCGCCTCA TCTAATATAA TGACAGAGGG	1200
	GTTAAGTGCT AATACACTTG CTATAGCCAC ACGCTGCTTC TGTCCCCCG ATAATGCATT	1260
25	AGGTTCTATA TCTGCACGTT CTAACATATC AACTTGTTTA AGTGCTTCGC TGACTCTTCT	1320
	ATGCATTTCTG TCATATGGAA CCGCATGATT TTCGAGTCCA AATGCCACAT CGTATTTTAC	1380
	AATTGAACCA ACAAATTGAT TATCCGGATT CTGAAATACA ATTCCTATGT CTTTTCTTAA	1440
30	CTTTTCAAAA TTATCATCAG TTATAGCTTG ATTATTATAA AAAATTTCTC CAGATTTAAC	1500
	TTTCTCTATG CCAATCATTG ACTTGGCAAT TGTAGATTTT CCAGAACCGT TATGACCAAC	1560
	AATAGATGTC CACTGACCTT TAGGTATATT AAAAGAAACA TCTTTCAATG TGAAGGATGC	1620
35	ATCACTTTGA TATTGAAATG AAACATTTTT AAATACAATA ACTGAATTCT TATCCTCCAC	1680
	TTGTCTCTCT CCTTTACGAT TCGTGTATCT ATCATATTTT ACAATATTTA TAAATCGCTG	1740
	TATATGACAT TGACTGGGTT CTCTATATAT TACTAGTATT TTCTGACTCA TTTCTAGTCT	1800
40	TTAAAGTGTT GTTTAACAAC TAATGATAAG GACTTTTATT CCTCTCTAAC AATTATGTAT	1860
	AAACGTTAAT AAAATAAATG ATTTACTAAT ATAGGGGTGG TCGCGTTTGA TTCAACGATA	1920
	ATACTTTTCA TTTATTAGT TCTAGTAAAA TTGATCAAAC TAGCTTCATC ATATTTTATG	1980
45	ATTCGCACTC AAAAAAGTAA ATATAAAGAA ATCGGACTTA AAAACATTTT TGTTTATAAG	2040
	TCCGATATTT TATTCAATAA AAAAGCGCGC ACCCCATCAT AAGTTTGTG AGTTCACGCT	2100
50	TTAAATCTTT ATTTAGTTGA TGGGGTACTC TGAGCTAGAC AATATTTGTA TGTGGCAAAC	2160
	ATTATCGTTG CACTCATTTG CTTTATATAA AAGTAGTTAG TGTATTTATA TAAATCTTAA	2220

55

EP 0 786 519 A2

	ACGAGTGTAA CCACCTTGAC GTTCTGTGTA AcGCTCTGCG ATTTACACAA ATAATTTTTG	2340
	AAGTGCAGTT TGTGTAGTTT CATCTTCGTT TAAGATTTCA ACATTACGTA AAGTTTTAGC	2400
5	TGCATTACGA CGAGAAGCTA AATCTCCTTT TTTACCTAAA GTGATTAATT TCTCAACAAC	2460
	ACTGCGAACT TCTTTTGAC GAGCTTCTGT AGTTTCAATA CGTTCACTAA TAATAAGTGA	2520
10	TGTAGCTAAG TCACGTAACA TAGCTTTACG TTGATCAGAA GTACGACCTA ATTTTCTGTA	2580
	ACCCATGAGT TAACCTCCTT TATCAATCTT CTTTCTTAA TCCTAATCCT AAATCTTCTA	2640
	ATTTGTATTT AACTTCTTCT AAAGATTAC GACCTAAATT ACGCACTTC ATCATGTCAG	2700
15	CTTCAGATTT GTCAGCTAAC TCTTGAACAG AATTGATTCC TCGCGTTTT AAGCAGTTAT	2760
	ATGAACGTAC AGATAAGTCT AATTCTTCAA TAGACATTTT TAATACTTTT TCTTTTGTAT	2820
	CTTCTTCTTT TTCAATCATG ATTTCAGCGT TTTGCGCTTC ATCAGTAAGA CCAACGAAGA	2880
20	TATTCAAGTG TTCAGTCATT ATTTTGTCTG CTAATGAAAC TGATTCTTGT GGTGTGATTG	2940
	AACCATTAGT CCAAACATCC AATGTTAATT TATCAAAATC ACTGCTTTGA CCTACACGTG	3000
	TATTTTCAAC AGTATAGTTC ACACGTTCAA CAGGTGAATA CAATGAATCA ACAGGGATTA	3060
25	CACCAATTGG TAAATCACTA GTATTATTTT GTTCTGCTAA TCGGTAACCT CTACCCCTGT	3120
	TAGCAACTAG ACGAATTTT AAGTGACCAC CTTTAGATAC TGTTGCAATT TTAAGCTCTG	3180
	GGTTTAAAT TTCAACATCA CTATCATGTG TAATGTCGCT TGCTGTACT TCGCCTTCAT	3240
30	CACGTACATC AATTTCTAAA GTTTTATCTT CTTCAGAGTA AATTTTCAAT GCTAATTGTT	3300
	TAATGTTTAT AATAATTGTA GAAACATCTT CAACTACATT GTCTACTGCT GAGAATTCAT	3360
	GTAAACTCC CTCAATTTC AATATACTTAA CGGCTGCACC TGGTAATGAA GATAGTAGGA	3420
35	TACGACGTAA GGAGTTTCCT AGTGTAGTAC CGTAGCCACG TTCTAGTGGT TCAACAACGA	3480
	ACTTACCGAA TTTAGCATCT TCACTAATTT CAATTGTCTC AATTCTAGGT TTTTCGATTT	3540
	CTATCATTTA AATATCCTCC TTATATACGT CGACTTAATT TAAAATGTTT GCTCAGTGAC	3600
40	CTGTAACAAT ACCATCATAA ATTATACACG ACGACGTTTT GGTGGACGAC AACCGTTATG	3660
	AGGTACTGGA GTAACGTCTC TGATCGCAGT TACTTCTAAA CCTGCAGATT GTAATGCACG	3720
45	AATAGCTGAT TCACGACCTG GACCAGGTCC TTTAACTGTT ACTTCAACTG TTTTAAACC	3780
	ATGCTCCATA GCTGATTTAG ATGCAGTTTC AGAAGCCATT TGTGCTGCAA ATGGTGTTGA	3840
	TTTTTTAGAT CCTTTGAATC CTAATGCACC AGCTGATGAC CATGATAAAG CATTACCGAA	3900
50	CTCATCAGTG ATAGTTACAA TAGTGTGTTT GAATGTTGAA CGGATGTGTG CTACACCATT	3960
	TTCAATATTC TTTTCACTC TACGTTTACG AGATACTTGT TTACGTGCCA TTTAAATTT	4020

55

EP 0 786 519 A2

	CGCGCGTkgT TTTTCGTTTT TTGACCACGA ACTGGTAAAC CACGACGGTG ACGGATACCC	4140
	ACGGTATGAT GAAATTnCCA TTAAACGTTT GATATTTAAG TTAGTTTCAC GACGTAAGTC	4200
5	ACCTTCGACT TTATAACCGT CTACAACTTC ACGGATGCGA CCTAATTCGT CATCAGTTAA	4260
	ATCTTTCACA CGAGTATCAG CTGATACGTT AGCTTCTTCA AGAATTTTTT GAGCAGTTGA	4320
	CGTACCGATA CCGTATATAT AAGTTAATGA GATAACTACG CGTTTTTCAC GTGGAATATC	4380
10	TACTCCTGCA ATACGTGCCA TATTAATTTA CACCTCTCTT TTATTAACCT TGTCTTTGTT	4440
	TGTGTTTTGG ATTTTCACAA ATTACCATTa CTTTACCTTT ACGTTTAATG ACTTTACATT	4500
15	TTTCGCAAAT AGGTTTTACT GATGGTCTTA CTTTCATTTT TATACCTCCC TATATTATGG	4560
	AGTGACGATT ATTTATAACG ATAAGTAATT CTTCCGCGTG TTAAATCGTA CGGAGACATC	4620
	TCAACAGTTa CTTTGTGCGC AGGTAGAATA CGAATGTAAT TCATTCTGAT TTTACCCTT	4680
20	ACGTGAGCnA AAATCTCATG ACCATTTTCT AATTCTACTT TAAACATTGC GTTCGGTAAA	4740
	GTATCTAATA CAGTACCTTC TAATCAATT ACATCTTGTT TAGCCATTGA TTAACCTCCC	4800
	CCTTTTTGCA ATAGTAAGGT AATCGTCAAT AGACAACTTT ATTGTTACGA ATCTATCAGT	4860
25	GATTAATTTT ATAAGTTAAA CAAAAATTAC GGAATTAAT TATCGTTAAT TGCCACTCTC	4920
	ATCTATCTAA TATGATTAAA TCATGCCTCA CTTAAAATAG ACCGCTAAAA GTTGATCTAT	4980
	TACAAATGAT CTAAAATATC AATGACATCT TTGGTAACGT CGCTAATATC TTTTGAACCA	5040
30	TCAATATTTT TCAATACACC TTTTGTATCA TAGAAATCTA AAATAGGCTT AGATTGTTTA	5100
	ATATTAACAC TCAAACGATT AGCTACCGTT TCAGGATTAT CATCTTCTCG TTGATACAAT	5160
35	TTACCACCAT CGATATCACA AATACCTTCG ACTTCGGAGG ATTAATACA AGATGATACG	5220
	TTGTACCACA TGACTCACAG ATTCGACGAC CTGTAAGACG GTTCATTAAAT TCTTCTCCG	5280
	GAAC ¹ TCGAT ATTGATGACA GCATCAATGT TTCTGTCAAG CTCAGACATA ATATTATTTA	5340
40	ATGCCTCAGC TTGCTCGATT GTTCTTGGGA AGCCATCTAA TAAAAGCCT TTTTTTGCAT	5400
	CGTCTTCAGA AATTCTTTCC TTAACGATAC CTACAGTCAC TTCATCAGGA ACTAATTCGC	5460
	CACGGTCCAT ATAAGACTTA GCTTCTTTAC CTAATTCAGT TTCTTCTTTT ATAGCTTTTC	5520
45	TGAACATGTC ACCAGTTGAA ATGTGGGGTA TTGGGAATTT CTTGaCAATT TCAC ¹ TGCTT	5580
	GAGTTCCTTT ACCTGCGCCA GGTAAACCCA TCAAATGAT ATTCATAAGT GCCCTCCTAA	5640
50	AATTATCTAC CACCAAAGCC TTTATATTCT TTTTGAGATA CTTGAGCTTC TAAAGATTTC	5700
	ATTGTTTCAA TCGCTACACC AATAACGATA AGTAAACTTG TACCACCAAT CTGAATTGAT	5760
	TGTGGTAATC CCATAA ¹ CTT AGTTGCTAAT ATCGGTAGAA TTGAAATAAC GGCTAAGAAG	5820

55

EP 0 786 519 A2

CCAGGTCTAA TACCTGGAAC ATAGCTACCT TGTTCCTTAA GGTATCAGC CATTTTTTCC 5940
 GGATTAACCT GTACAAATGC ATAGAAGTAT GTGAATAGTA TAATTAGTAC AATATATACA 6000
 5 ACCATACCAA CATTACTGA AGGATTGCA GCATTCGCA TGTTTGTGC CCATTCTTTA 6060
 TCTGGATAGA ACAACGTAA TGTCTAGGC AGTAAGAAGA ACGCCATTGC AAAGATTACA 6120
 GGAATAACAC CGGCTGAGTT CACTTTTAAA GGATAGATAAG TTGCCTGTGA ACCTAATCTT 6180
 10 TGAGCAGTTT GTTTCTTAGC ATATTGAATC GGAATTTTAC GAACGGCTTC AAGTACATAA 6240
 ATAGCACCTA CAGTTAATAG TATCAGTGAC ACTAAAAGTC CTAATACTTT CAACCATGCT 6300
 AATGATGTAT CTCTTGCCC AACGAACGCA tTTGTcCAA TTGAATTAGA CTGGCTGGCA 6360
 15 ACGTTGATAA AATACCCGCA AATATGATAA TAGAAATACC ATTACCAACA CCGAACTGAG 6420
 TGATTTGATC ACCAAGCCAT ATTAAGAAAG CAGTTCCTGC TGTnCAAAAC TAGTGCTATT 6480
 20 AATAAATAAC TCATAATTGA CTGATTGATA ATCAGCGCAC CTTTGAGATA ATTATTAAAT 6540
 TGGAATGCCA TACCTATAGA TTGGATAAAT GCTAAAGAAA TTGCTAAATA ACGAGTAACG 6600
 TTATTTAACT TTCTTCTACC TACTTCACCT TGTTTTGCCC ATTCTGAGAA TTTAGGGACA 6660
 25 ATATCCATTT GTAATAATTG CATTACGATT GATGCAGTGA TGTAGGGTAC AATACCCATT 6720
 GCAAAAATAG AAAATCGTTT cAAGGCTCCG CCACCAAAAG TATTTAATAA CTCAGTGGCA 6780
 CCTTGAGAAC CTGCGGATT ATCAAAAGCT GCAGGATTTA CTCCTGGAGC TGGTATATAA 6840
 30 GTCCCTATTT TAAAAATTAC TAACATTGCT AGTGTGAAGA AAATCTTGTT ACGAACCTCT 6900
 TTTGTTCTAA AGAAGTTCAC AAGGGTTTGA ATCATTAGAT CACCTCGTGT GcTCCACCTT 6960
 35 TAGCATCAAT AGCTTCTGCT GCTGAAGCTG AGAATTTATG AGCTTTCCT GTCAATTTCT 7020
 TATCAAGTGA ACCATTACCT AGTATTTTGA TACCAGATTT TTCATTCTTA ACAACACCAG 7080
 ATTCTACTAA TAAAGCTGGA GTTACTTCAG TACCATCTTC AAATTTATTA AGTTGGTCTA 7140
 40 AGTTAACAAT AGCATATTCT TTACGATTTA TGTTAGTAAA ACCACGTTT GGTAAACGAC 7200
 GGAATAATGG TAATTGACCA CCTTCAAATC CTGGTCTTAC ACCACCGCCT GAACGAGCTT 7260
 TTTGACCTTT GTGTCCGCGA CCACTTGTTT TACCGTTACC TGTCGCAACA CCACGTCCAA 7320
 45 CACGATTGCG TTCTTTACGT GAACCTTCTG CCGGTTTTAA CTCATGTAAT TTCATTTCGG 7380
 CACCTCCTTG ATTATTTTTC TTCTACTGTT ACTAAGTGCT TAACTTTGTT GATTTGCCCA 7440
 CGAATAGCAG GGTATCTTC AACAACTACT GAAGTGTAG TCTTTTAAAG ACCTAAAGCT 7500
 50 TCAACAGTTT TACGTTGTGT TTCAGGACGA CCAATAACAC TACGAGTGAG GGTAATTTGT 7560
 AATTTAGCCA TAACTAGTTT TCCCTCCTTA ATTGTATAAT TCTTCTACTG TTTTGCCACG 7620

55

EP 0 786 519 A2

	CATGTTGATT	GGTGTGTTTG	ATCCTAATGA	TTTACTTAAG	ATATCAGTGA	TACCTGCTAA	7740
	TTCAAGTACG	GCACGAACAG	GACCACCAGC	GATAACTCCT	GTACCAGGTG	CAGCCGGTTT	7800
5	CATAAATACG	CTTCCTGAAC	CGTAACGGCC	AGTAATTGTG	TGTGGAGTTG	TACCTTCAAC	7860
	ACGTGGAACA	ACTACTAAAT	CTTTTTTAGC	TGCTTCAACA	GCTTTTTTGA	TTGCTTCTGG	7920
	TACCTCTTGA	GCTTTACCAG	TACCGAAACC	TACACGACCA	TTTTTGCTC	CAACTACAAC	7980
10	TAATGCAGTG	AAACGGAAAC	GACGACCACC	TTTTACAAC	TTTGCTACAC	GGTTGATTGT	8040
	AACAACGCGT	TCTTCAAATT	CTTTCGTCTC	TTCTTCTCTA	CGAGCCATGT	ATTTGTCCCT	8100
15	CCTTTAAATT	AAAATTCTAA	TCCGCTTTCT	CTTGCTGCTT	CAGCTAATGC	TTTAACACGT	8160
	CCGTGATATA	AATATCCTCC	ACGGTCAAAT	ACGATTTCTT	TAATGCCTTT	GTCAGCAGCT	8220
	TTTTTAGCAA	TTGCTTCACC	GACTTTAGTT	GCTAATTCAA	CTTTAGTTGC	TGTAGTAGCA	8280
20	ATGTCGCTGT	CTTTTGAAGA	AGCTTGAGCT	AATGTTACGC	CTTTATTATC	ATCAATAATT	8340
	TGAGCGTAGA	TATGCTTGTT	TGAACGATAT	ACGTTTAAAC	GTGGCTTTTC	AGCTGTACCT	8400
	GATAAGTTAG	TACGAACACG	AGCATGTCTT	TTTAAACGCA	CTTTATTTTT	ATCAATTTTA	8460
25	CTGATCATT	CAATACTCCT	TTCTTTAGAG	TTTATCTATT	ATTTACCAGT	TTTACCTTCT	8520
	TTACGGCGAA	CGTATTCACC	TTGGTAACGA	ATACCTTTAC	CTTTGTAAGG	CTCTGGAGGT	8580
	CTTACTGAAC	GGATGTTAGA	TGCTAATGCT	CCAACTTGTT	CTTTTGAAAT	ACCTTCAACT	8640
30	TTAACGACTG	TGTTTTTCTC	AACTGAGAAA	GTAATGTTTT	CTTCAGCTTT	AATTTCTACT	8700
	GGGTGAGAAT	AACCAACGTT	AAGGATTAAG	TCTTTACCTT	GCATTTGAGC	ACGGTAACCT	8760
35	ACACCAACAA	GTTCAAGTAC	TTTTACGTAT	CCTTGAGAAA	CACCTTGTA	CATATTGTTT	8820
	AATAAAGCAC	GAGTGTGACC	ATGGTTTGTT	CTATCTTCTT	TAGAATCAGA	TGGTCTTACA	8880
	ACTTCAATTG	TGTTTTCTTC	TTGTTTGAAT	GTCATTCTTT	CATTTAAAGT	TCTTGATAAT	8940
40	TCACCTTTAG	GACCTTTAAC	AGTTACATGA	TTTCCATCAA	AAGTTACTGT	TACGTCACCTA	9000
	GGGATGTCAA	TAATTTTCTT	ACCAACACGA	CTCATGTTAT	GGCACCTCCT	TATTTTTTAT	9060
	TACCAAACGT	ATGCGATAAT	TTCTCCACCA	ACATTACGTT	TTCTTGCTTC	TTTGTCAGTG	9120
45	ATTACACCTT	CAGAAGTTGA	TACTAATGCA	ATACCTAAAC	CATTTAATAC	TTTAGGCATT	9180
	TCGCTAGCTT	TTGCATAAAC	ACGTAAACCT	GGTTTTGAAA	TACGTTTTAA	TCCTGTGATA	9240
	ACACGCTCAT	CGTTTTGACC	ATATTTTAAG	AATAAACGAA	GTACACCTTG	TTTATCATCT	9300
50	TCTACGTATT	CAACATTTTT	AATGAAACCT	TCACTCTTTA	AGATTTTACG	AATTTCTTTT	9360
	TTAATATTTG	ATGCAGGTAA	TTCTAACTTC	TCGTGACGCA	CCATGTTTGC	GTTTCTTACA	9420
55							

EP 0 786 519 A2

	TCTTTTTTAT TACCAGCTAG CTTTACGAAC GCCAGGGATT TGGCCTTTGT AAGCTAATTC	9540
	ACGGAAACAA ATACGGCATA ATTTAAATTT ACGATATACA GAATGTGGAC GGCCACAACG	9600
5	TTCACAACGA GTGTATTCAC GAACTGCATA TTTTGTGTTT TTTTGTGCT TAGCAACCAT	9660
	TGAAGTTTAA GCCACTTAAT TAGCCTCCTT TAAATAATTA TTTACGGAAT GGCATACCGA	9720
10	AGTTAGCTAA CAATTCACGA GCTTCTTCAT CAGTGTTAGC AGTCGTTACG ATAACAATAT	9780
	CCATTCTCTT AACTTTACTT ACTTTATCAT AGTCGATTTC TGGGAAAATT AATTGTTCTT	9840
	TAACACCTAA AGTGTAGTTA CCGCGTCCGT CAAATGCTTT TTTAGAAACA CCTTGAAGT	9900
15	CACGTACACG TGGTaATGAT ACTGAAATTA ATTTGTCTAA GAATTCATAC ATTCTTTCAC	9960
	CGCGAAGTGT TACTTTCGCA CCGATTGGCA TACCTTCACG TAAACGGAAA GTCGCGATTG	10020
	aTTTTTTAGC TTTAGTTACT AATGGtTTTT GACCAGTGAT CAATTCTAAT TCTTCAACAG	10080
20	CATTGTCTAA TACTTTAGAA TTTTGTACTG CGTCACCTAC ACCCATGTTT ACAACGATTT	10140
	TATCTATTTT TGGTACTTCC ATTACTGAAC TATAATTGAA TTTTTCATT AAGTTTTTCAG	10200
	TAACCTCAGT GTTaAACTTT TctTTTaAAC GGTTCaAGT GGGATCCTCC TTTCaACTTG	10260
25	TtATTAATTA TTAGAkTTAA TTTCTTCGCC AGATTTTTTA GCGATACGAA CTTTTTTACC	10320
	ATCAACAAAT TTGTAACCTA CACGAGTTGG TTCGTTTGTT TTAGGGTCCA ATAATTGTAC	10380
30	ATTAGAAACA TGGATTGCTG CCTCTGTTTC TAAGATTCCA CCTTCAGGAT TTAATTGAGT	10440
	TGGTTTTTGG TGTTTTTTCA TAATGTAAAC ACCTCCACA ACGACACGGT CTTTTTTAGG	10500
	TAGAGTAGCA ATTACTTTAC CTTCTTTACC TTTGTCTTTA CCTGCGATAA CTTTAACGTT	10560
35	GTCACCTTTT TTGATATGCA TGTGGGCACC TCCTTATTTG TATTGGTTGT TATTAATTAA	10620
	AGTACTTCTG GTGCTAATGA TACGATTTTC ATGAAGTTAC CTTACGTAA TTCACGAGCA	10680
	ACAGGTCCGA AGATACGAGT ACCACGTGGG CCTTTGTCAT CACGGATGAT AACACATGCA	10740
40	TTTTCATCAA ATTTGATGTA TGAACCGTCA TTACGACGAA CACCTGACTT AGTACGTACG	10800
	ATTACAGCTT TGACAACGTC ACCTTTTTTA ACAACGCCAC CTGGTGTGTC ATTTTTAACA	10860
	GTACATACGA TAACATCGCC GATGTTTGCT GTTTTACGAC CAGATCCACC TAATACTTTG	10920
45	ATTGTAAGAA CTTACAGAGC ACCAGAGTTG TCTGCTACTT TCAAGCGTGT TTCTTGTTGG	10980
	ATCATTAGTT AAACCTCCCT TATCTCTAAA CTGTATTAA ATAATTACTG ACTCTTCAAC	11040
50	AATCTCTACT AAACGAAAAC GTTTTGTTGC TGATAAAGGA CGAGTTTCTT GAATTTTAAC	11100
	AATGTCTCCT AATTAGCTG AATTGTTTTT ATCATGAGTT TTGTATTTT TAGAGTATTT	11160
	TACTCGTTTA CCGTATAATT TGTGTGTTTT GTAAGTTTCA ACAAGTACTG TAATAGTCTT	11220

55

EP 0 786 519 A2

	TTTTGTAACC TCCTCTTACT TAATTATTGA TTAGCCTTAC TTTGTTCAAT TTCTCTTTCA	11340
	CGAGCAACAG TTTTGTAGACG TGCAATCGTT TTTCTTACTG TACGAATACG TGCAGTTTCT	11400
5	TCTAATTGAC CTGTAGCTAA CTGAAAGCGT AGGTTAAAAA GCTCTTCTTT TGAAGATTG	11460
	ATTTGTTCTT CGATTTCTGA AGTGGTTAAG TCTCTAATTT CCTTAGCTTT CATTTGTTTC	11520
	ACCACCCAAT TCCTCACGTT TTACAACTT AGTTTTTACT GGAAGTTTGT GACTTGCTAA	11580
10	ACGTAGTGcT TCACGCGCAA CTTCTTCAGA AACGCCAGCA ACTTCGAATA AAATTCTACC	11640
	TGGTTTAAACA ACTGCGATCC AGCCTTCAAC CGCACCTTTA CCAGCACCCA TACGTACTTC	11700
15	TAAAGGTTTT TTAGTATATG GTGTATGTGG GAAGATTTTA ATCCAACTT TCCCGCCACG	11760
	TTTCATGTAA CGTGTcATTG CTATACGAGC AGATTCGATT TGACGAGATG TGATCCAAGA	11820
	CGTTGTTGTA GCTTGTAAC CAAACTCACC AAATGTTACG TAcTACCGCC TTTAGAACGA	11880
20	CCAGTTGTTT TAGGACGATG TTGACGACGA TATTTTACAC GTTTTGGTAG TAACATTATT	11940
	ATTTTCCTCC TCCACTAGTG TTCTTAGTAG GAAGAACTTC TCCACGATAA ATCCATACTT	12000
	TAACGCCTAA TTTACCGTAA GTAGTGTCAG CTTCAGCGTG tGCATAATCG ATGTCAGCAC	12060
25	GTAACGTATG AAGTGGAACA GTTCCTTCTG AATATTGTTT AGCACGAGCG ATGTCAGCTC	12120
	CGCCTAAACG ACCAGATACT TGaGTTTTGA TACCTTTAGC ACCAAGTTTC ATAGCTCTAG	12180
	TGATTGCTTG TTTTGTACA CGACGGAATG AAGCACGGTT TTCTAATTGA CGTGCGATGT	12240
30	TTTCAGCTAC TAAACGAGCG TCAAGATCAA CTTTTTTGAT TTCAATTACG TTGATGTGTA	12300
	CTTTTTTATC AGTTAACGCA TTTAATTTGT TGCgTAATTT TTCGATTTCT GAACCGCCTT	12360
	TACCAATTAC CATACCAGGT TTACCAGTAT GAATTGCAAT GTTGATACGG TTTGCAGCAC	12420
35	GTTCAATCTC TACGTGAGAA ACTGATGCTT CTTTTAATTC ATTATCAATA AATTTACGGA	12480
	TTTTTAAATC TTCGTGTAAA AGTGAAGCGA AGTCTTTTTT AGCATACCAT TTAGCTTCCC	12540
40	AATCACGGAT AATACCAACA CGAAGTCCGA TTGGATTAAT TTTTGTACCC ACAGTATTCC	12600
	CTCCTTAAAA GTTAATTAAG CTTCTTTAGC TTCTTCTTTA CCGTCACTTA CGACGATTGT	12660
	AATGTGGCTT GTACGTTTGT TAATCGCACT TGCACGACCT TGCGCACGTG GACGGAACG	12720
45	TTTTAATGTT GGTCCCTCGT TAGCATATGC TTCTTTAACT ACTAATTCAT CTGTGTTTAT	12780
	GTCATAGTTA TGTTcAGCAT TAGCTAAAGC GGACATTAAT ACTTTTTCAA TTACTGGTGA	12840
	TGAAGCTTTG TTTGTTAATT TTAaAATTGC AATAGCTTCA GCAGATTTT TACCTCTGAT	12900
50	TAAGTCAAGA ACTAGTCTTA CTTTACGAGG TGCGATTCTT ATTGTTCTAG CAACCGCTTT	12960
	TGCTTCCATT AGGATGTcCT CCTCTACTTA ATAGATATTA TCTTCTTGTT TTCTTGTCGT	13020
55		

	TATCTTCAGT TACATATACA GGTACGTGTT TACGTCCGTC GTATACTGCA AAAGTATGTC	13140
	CGATGAAATT AGGGAAAATT GTAGAACGAC GTGACCATGT TTTGATTACT TGTTCCTTTT	13200
5	CGCTTCCTTC TTGAGCTTCA ACTTTTTTCA TTAAATGCTC ATCGACGAAA GGTCCCTTTT	13260
	TAATACTACG AGCCATTGG GCGCCTCCCT TCTTATTATG TCGGTGCAGC TTAAAGCCGC	13320
	ACACCCAAAT AAGTTGATTA TATTATTTTT TCTTACGTCC ACGAACGATA AGTTTGTCTG	13380
10	ATGATTTTTT ACCACGACGA GTTTTCTTAC CAAGCGTAGG TTTACCCCAT GGTGACATTG	13440
	GAGATGGTCT ACCGATAGGA GCACGACCTT CACCACCACC GTGTGGGTGA TCGTTAGGGT	13500
15	TCATTACAGA ACCACGAACT GTTGGACGGA TACCTTTCCA TCTTGAACGT CCGGCTTTAC	13560
	CAACGTTAAC TAATTCGTGT TGTAGGTAC CAACTTGACC GATTGTAGCA CGGCAAGTAG	13620
	ATAAGATCAT ACGAACTTCA CCAGATCTTA ATCTGATTAA TACGTATTTA CCTTCTTTAC	13680
20	CAAGTACTTG AGCACTTGCA CCAGCTGAAC GAGCGATTTG TCCACCTTTA CCAGGTTTAA	13740
	GCTCGATGTT GTGTACTACT GTACCAACTG GAATGTTTTG TAATGGTAAT GCGTTACCAA	13800
	CTTTGATGTC AGCTTCAGCA CCACCTTCAA CGATTTGACC TACTTCTAAT CCTTTAGGAG	13860
25	CAATGATATA TCGTTTTTCA CCGTCTGCAT ATACAACTAA AGCGATGTTT GCTGAGCGGT	13920
	TTGGATCATA TTGAATAGAA TCAACTTTTG CATTGATACC ATCTTTGTTA CGTTTGAAAT	13980
	CGATAACACG GTATTGACGT TTGTGTCCAC CACCATGGTG TCTTACAGTC AATTACCTT	14040
30	GGTTGTTACG TCCCGCTTTT TTCGGTAGCG GTTTTAATAA TGACTTTTCA GGTGTAGTTT	14100
	TCGTGATTTT TCGGAAATCT AACGAAGTCA TATTACGACG ACCATTTGTT ATTGGCTTAT	14160
35	ACTTTTTAAT AGCCATTGTC GCTTACCTCC TTAATGGTAA TTGTTTTATT AGTTAAATAA	14220
	GTCGATTGAT CCTTCTTTAA GAGTTACAAT CGCTTTTCTT CTTTTGTTG TATAGCCTTG	14280
	GTAACGGCCC ATACGTTTTT TCTTAGGTTT GTAATTCATG ATATTACAC TTGCAACTTT	14340
40	TACGTTGAAG ATTTCTTCAA CTGCCATTTT TACTTGTTGTT TTGTTAACAC GAGTATCAAC	14400
	GTCGAAAGTG TATTTGTCTT CAGCCATTGC TTCAGAAGAT TTCTCAGTGA TTACGGGGCG	14460
	CTTAAGAATA TCTCTTGCTT CCATTATCCG AGCACCTCCT CAACTTTTTT AGCAGCAGCT	14520
45	TCAGTAATTA CTAAGCTGTC AGCATTAGTG ATATCTAAAA CATTTAAACC TTGAGCAGTT	14580
	GTCACCTGAA CGCCAGGGAT GTTGCCTGCT GATAATTCAA CATTTACATC TTCGTTTTCA	14640
	GTAACACTA ATACTTTTTT AGGTTGTTCT AATGTAGATA ATACATTTTT GAATCTTTA	14700
50	GTTTTTGGAG CTTGGAAGTT GAATGCGTCA ACTACAGTTA AGCCATTCTC TTGAGCTTTG	14760
	AAAGATAATG CTGAGCGTAA AGCTAAACGA CGCATTTTCT TAGGCATTTT GTATGCATAA	14820

55

CCTTGACGAG CACGACCTGT TCCTTTTTGC TTCCATGGTT TACGTCCGCC ACCGCTTACT 14940
 GCTGAACGAT TCTTAACAGC ATGCGTACCT TGACGTAATG AAGCACGTTG TAAATTAATA 15000
 5 GCTTCGAATA AAACGCTATT ATTTGGCTCA ATACCGAATA CTGCATCGCT TAATTCGATT 15060
 GAACCTGATT TAGTTCGCTC TAATTTTAAA ACATCATAAT TAGCCATTAT GCATTTCTCTC 15120
 CTTTCACTTC TTATTATTTA TTACCTTTTT TAATGAAGT TCTGATTTCT ACTAACCTT 15180
 10 TTTTAGGTCC AGGTACGTTA CCTTTTACTA AGATAACTTT GTTTTCTGTG TCAACTTGAA 15240
 CTACTTCTAA GTTTTGAACA GTTACAGTGT TTCCACCCAT ACGTCCTGGC ATTTTTTGGC 15300
 15 CTTTAAATAC TCTAGAAGCA TCTGAAGCCA TACCTACAGA ACCTGGTGCT CTGTGGAAAT 15360
 GAGAACCGTG TGACATAGGT CCACGAGATT GTCCGTGGCG TTTAATTGCA CCTTGAAAC 15420
 CTTTACCTTT TGATACGCTT GTTACGTCAA TAACGTCGCC AGCTACAAA GTATCTACTG 15480
 20 AGACTTCTTG AaCCTAcTeG TAAGCATCCA CGTCTACATT GCGGAATTCA CGAATGAAGC 15540
 GCTTAGGTGC TCGCTCAGCT TTTTACGCT GACCTTCAGC TGGTTTATTA GCATATTTAT 15600
 TAGATTTTGC ATCTTTTTTG TATGCTTTTT TGTCTTCAA TCCAACCTGG ATTGCGTTGT 15660
 25 ATCCATCAAC TTCTACAGTT TTCTTTTGTA ATACAACATT TTCTTTAGCT TCTACTACTG 15720
 TTACAGGGAT TAATTCACCG TTTTCTCCGA ATACTGTGT CATCCCAATT TTTCTTCCTA 15780
 AGATTCTTTT GGTATCGAA AGTCCACCTC CTAAAATTGT CTATTATAAT TTGATTCGA 15840
 30 TGTCTACACC AGATGGTAAG TTTAAGCCCA TTAAAGCGTC AACTGTTTTT GGTGTGGGT 15900
 TTACAATATC GATTAAACGT TTGTGTGTAC GTTGTTCGAA TTGTTACAGT GAATCTTTAT 15960
 ACTTATGCAC GGCACGGATG ATTGTGTAAG CTGATTTCTC AGTTGGTAAC GGAATTGGTC 16020
 35 CAGAAACATC TGCACCAGAA CGTTTCGCTG TTTCTACAAT CTTCTCTGCT GATTGATCAA 16080
 TTACGCGGTG ATCATAAGCT TTTAATCTGA TTCTGATTTT TTGTTTTGCC ATAATTTTCC 16140
 40 CTCCTTATTC GTCTACATTT AGTGATAGAC TTCTCCACGA AACTATCTT ACACAGCGCC 16200
 ATGGCAAAGC GGCCGGGTGT GTCAGTAACC TTTCGCTTCA TCGCTTTTCT TAAAGTCCAA 16260
 CGTTAGTTAT ATTACACGAA AAACATCGAT AAATCAAGGC TTTTCACATA ATTTTCTAT 16320
 45 CTGTCTAACA CATACTTTTA TATTTnACTT TATATACTTA GTCAGTTCAA CTATTTTCGA 16380
 GATATTTTnA ATTTCCn 16397

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 206:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 29555 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 206:

5	TnAGTTGTTT CTGCCACGAA AGATTCAATG GCTTTTCTTG CTTTACGCTT TTCTTTCAAT	60
	GGCAAATCAC CAATCATTTT TTTAAGGTGA TGTGGGTTTA CAACACCACT ATACTGGTAG	120
10	TCATTTGAAn TTGTTTTTAG GGCTTGTTCA TCGATAGATC TCTCTCCAGC AAATCCTTTG	180
	AACTCCGCTT CTTTTTTAAT ACTTTGAAA TTAACATATT CTTGATCGAT ATCATCATCC	240
	TTATTTAAAG AAGGTACAAC ATTGTCGATG AATTCTCTAA TTAGATCTCG TTTTAACCTC	300
15	AATGtCGGAT CATCTGCATG ATCTAAAATG CGTCTAATTT GTTCTTGGTT ACGACGTTGT	360
	TCCGCTTTGT CTTCAAGATC AATTTGTCTC AATATATTCA TAATATAATT CACATTAATC	420
	GTATCATTAC GCATCATTTT TATTTGAAA TCAATATCAT TAAAATGGA TACTTTATTT	480
20	TTCTCAGCCG TCGCTCTTTT TACTTGATCG TACACAGCTA AATATTTACT TTTATAGTCT	540
	TCATTCTCTT GTTCATCCAT TCCAATTTCA TCAATTGTAA ACTCAAACCTC GTCAAATGCT	600
	TTTAAACGTA ATATTATTTT AGCTAATAAA CGATAAGCtT CAACAAAGCG CTTTAGCTCT	660
25	TCTTCATCtT GaATGtCATC AACCATGTGT GGTGTCGGCA CAATCATTTT AAGCTCACGA	720
	TAAGCGTCCA TAAATTCITT TTTATACTCT TCATAACTGC GCATTAAAAT TGTATCCGTA	780
	TCATTTGTTT GTGAGAATAC TCTCAGTGCA TCGTCTGTCT CTTTTTTCAA GTCACGATAG	840
30	TTTACAATTT TACCAAATGG CTTTGATTCT TTTTCAACCC TATTTGTACG TGAATACGCT	900
	TGAATTAAAT CATGATACAT TAAATCTTA TCAACATATA AAGTGTTTCA TACTTTACTA	960
35	TCAAACCCAG TTAAGAACAT ATTAACAACG ATTAAGATAT CAATTTTACT ATCTTTAACG	1020
	CCCTTTTTAA CGTTTTtGA AATATGATTA AAATACTCAT TAGTTGtGGC TGnTGaAAAA	1080
	TTCGtCTCGA ACTTTTTATT ATAATCACTA ATCATTATCT CTAATTTTTT CCGTGAATGA	1140
40	TATGGCACTT CACCATCACG ATCATCTTCA TTAGGTTTAA ACGTAAATAT ACCAGCTATC	1200
	GTTAACGGTT GTTCCAACCT TTTGTTAAGT CGCTTAAATG TCTCATAATA TTTAATAAGC	1260
	GCGTGAATAC TTTGGACTGT AAATATACTT GAATATTGAC GATTACGTGT ATATTTATCA	1320
45	TGATTATTGA TGATATGTCG TGTTACTAAT TCCACACGTT TATCCGCTAA CCATACTTCT	1380
	TCCGTATCAA TTGCTTCAAC CATGctGTTA TCTTCTGCTT TTAAAGCTTT ATTTTTAAAA	1440
	GTATTAATAT AGTCAACTGA GAAACCAAGT ACATTACCAT CATGAATGGC ATCTCTAATT	1500
50	AAATACGTAT GTAAGCATCT ACCGAAAATA TCTGCAGTTG TTCTACCATC TTGACTACTA	1560
	TTTTCTGGAA AACGTGGCGT ACCAGTGAAT CCAAAGTATT GGGCATTTTT GAAATGTTGT	1620

55

EP 0 786 519 A2

	ACTTTATTCTG	TTTTATACTG	TTCTAATAAA	GGGGCATTCC	CTTGAATCGC	TTTAGCCATT	1740
	TTTTGAATCG	TCGTTACAAT	AAGTGGCAAA	CTTTTATCAT	TTAGTTGGCG	TACCAGTTGC	1800
5	GAGGTATTAA	AAGTTTTGTC	TACAGCACCC	TTAGCAAATT	TATTAAATTC	CTCTTCTGTT	1860
	TGACTATCCA	AGTCTTTACG	GTCAACCAAA	AAGATAACTT	TCTTAATGTC	ATCTTGCTGT	1920
	GATAAAATCT	GACTCGCTTT	AAAAGAAGTC	AACGTCTTAC	CACTTCCAGT	TGTATGCCAT	1980
10	ACATATCCAT	TATTCCCTGT	CTCAGTCGCT	TGTTGAATAA	GTGCTTCTAC	CGCATACACT	2040
	TGATACGGAC	GCATTGCCAT	CAGTATTCTA	TCTGTTTCAT	TAATAATCAT	ATAGCGCGAT	2100
15	ATCATCTTAG	CTAATTGACA	AGGTCTCATA	AATGACTCAG	CAAACGATTG	CAATGTATTG	2160
	ATACGGTTAT	TCTGTTTATC	ACTCCAATAA	AACATGTGAC	TCTTCAATAG	TTGCTATCA	2220
	TTATTAGAAA	AGTATCGCGT	TTCAACACCA	TTACTAATGA	TAAACATTTG	TATGTAGCGG	2280
20	AATAAGCCTG	TGTAATTTTG	TTTGCGGTAA	CGTTTTACTT	GGTTAAACGC	CTCATTAATA	2340
	TCAATACCTC	GACGTTTCAA	TTCAACTTGG	ACAAGGGGTA	GTCCGTTGAT	TAATATCGTT	2400
	ACATCATAAC	GTGCTTTATA	TGTATCCTCG	ACAGATACTT	GATTCGTCAC	TTGAAACTTA	2460
25	TTTTTACACC	AACTTTTCGT	ATCTAAAAAC	GACAAATAAA	TCTCAGACTC	ATCATCACGT	2520
	CTAAGTGGA	ATTTATCACG	TAAAATACGG	GCACTCTCGA	AAACTTTTTT	TCCATCAATC	2580
	ATCGTTAACA	GACGTTGAAA	TTCTTTATCT	GTTAAaGGGAT	TGCCTTCTAA	TTGTCCGCA	2640
30	TGACGCTCAT	TTAAAATCGT	TCTAAAATTA	TCAAGCAATT	GCTTATTATC	ACGTATCGTT	2700
	ACTCTTTTCGT	AACCCAATTG	TTCAAGTTGA	TTCATCATTT	CATTTTCTAA	TGCGTATTCA	2760
35	CTTTGGTATG	CCATTCATAT	CCCCTTCCAT	ACACTTTCTA	TTGCTCTAAA	TATATCATAA	2820
	ACTTTAATGA	AAAATGTTTG	TTTTTTATCT	TCAAACGTAA	ATTTATTCTA	ATTTTATTGT	2880
	CTTATCTTTT	AATATTTGTC	TTTGAGGTAA	GTCGTATACT	AAAATTTGAA	TACAAATAAT	2940
40	CAAATCATTG	ATAAATTTTT	TGTCTACGAT	TAATGGAGGG	ACTTGAATGG	TGTTAATTAC	3000
	CTATCAAATC	ATTTTATTTT	TTATTATTAG	TCTAAGTTAC	TATTTAACTT	TAAATCATT	3060
	CATGGCAGTC	ACTGTAGGTA	ACTTCACTTC	AATATTCGGC	ATGTTCCGAG	CCATACTCTT	3120
45	TATGTACTAC	TACCTACTCT	ATAAAAGTCC	CGAATACAAT	CAACGCAAAC	GATTTAAACA	3180
	TTTCATTCAT	ATCACTAATT	TGATAATAAT	TGCTTTTAGC	ACCTTCGTAT	TAGTTCATTT	3240
	AGCATTAAAA	TTATCTTCA	GCATTTAATT	TCCATCTATG	AAAAAAGCAA	AGCTCAAATC	3300
50	TGAACTTTGC	TTTAATTTGT	CACGCCTTTA	TCATTTTCAA	AATAGCCTCT	ATGCCAGTTT	3360
	TACAAACTTG	TAGCAACAAT	TTTTTCATCA	GCAACTGAAT	CACATCAAAA	ACTTCAATTG	3420
55							

EP 0 786 519 A2

	GTCGCAAGAT GCTTCCTGTA ATTATCAAGT GCCATTTTCG ATTGGGTTAT ACAATCTAGA	3540
	ATCGCATGAT AATTTAATGC TACAAATCGA TAGTACAATA TATCTACCGT GAATAACTGT	3600
5	GCAAATAGTG ACGTTGTAGC CGCCATACGC ATTTCATTTT CATCAGTTCT GCCATAAATC	3660
	AATGCATAGT CTGCAATTTG AGCCACTGGA TTATTAGCTG TACTAGATAT AGTTATGATG	3720
	GGAATACTGT AATGTGTGGC CACCTGTGCA ATTGACTGCA ATTCACTATG ACTACCTTGA	3780
10	TTCGTCACAA AAATCATGCA ATCTCTATCA TCATGCGTCG CAAATGTTGA CACAAGTAAA	3840
	TGCGTTTCAT GTAATAACCT GACATTTAAG CCAATACGAG ATAACTTTTG AAAAAGATCA	3900
15	CCAATAGTCA AACTCGATGC GCCAAATCCA AATAAAAATA TGTCTCTGGC ATTTTTC AAC	3960
	ACATCACAAA TTGCATCAAT TTGCGCATCC ATAATATTAG TAGCTACAAA TCGCATCGTA	4020
	TTCTGTGCTC TAGCAATCAT TTTATTTTTT AAAGTTTCTA CAGATTCATT TTCAATCAAT	4080
20	TCTAAATGTG GATTGGTTGC AATATCTTCG GGTAAGTATC GAGATATCGC AATCTTTAGC	4140
	TCTTGAAAAC CTTGATGTGT CATTTTCCGA CTAAATCTAA CAATTGATGC TGTACTAACA	4200
	TTCTGAACAT CTGCCAAATC ATTCACAGTC ATATCAATGA TTTTATGTGG ATTCTTTAAA	4260
25	ATGTAATCAG CGATTATCTT TTCTGTCTTC GTAAATCAC TCAACTGCTT ATCAATGCGA	4320
	TATAAAATAT TTGTCATCAT TAATCACCCA ACAAATCTGT CTGTCGCATC GCCTTTGTCTG	4380
	TTCCAAATAA ATATGTACAA ACGAATCCAC CAGCATACGC AGCAAGTAAT CCTGCAATAT	4440
30	AACCTAAATA CATATTATCT GAGATTAATG GTAATAGTGA CACACCACTT GGGCCTATTG	4500
	CTTTGGCACC AATATGTCCA ATTCCACCTA TTACAGCGCC ACCAATACCA CCACCAATAC	4560
35	AAGCAGTTAA GAAAGGTCGA CCTAATGGCA AAGTCACACC ATAGATTAAT GGTTCTCCGA	4620
	TACCTAGGAA ACCAACTGGC AATGCACCTT TTAAAGTATT ACGTAATGTT GTGTTGCGTT	4680
	TACATCTTAC CCAAAGTGCT AATGCGGCAC CTACTTGTCC AGCACCAGCC ATCGCTGCAA	4740
40	TTGGCAATAA GTAAGTAGCA CCTGATTGGT TAATCATTTT TATATGAATT GCGTAAAAA	4800
	TATGATGAAG CCCTAACATA ACTAACGGTA GGAAGCTTGC ACCAATGATA AATCCACTAA	4860
	ATACGCCACC AATACTAATA ATTCCGTTAA CTACTGAAAC TAACTGTCT GAAACAAAAC	4920
45	CTGCTAATGG CATAAGATA AAGATAGTTA ATAGTCCTAC AATCAACAAT GCAATAGTCG	4980
	GCGTTACAAT AATATCAATC GCATTTGGCA CAATTTTATG TAATCTCTTT TCGACAATAC	5040
50	TTAAATCCA AACGGCAAAA ATAACGCCAA TAATCCCACC TTGTCCAGGT TGCAATGGTT	5100
	CTCCAGTGAA GACATTCATT AAAATATTTT TACCAGCAAT ACCCGTTAAT AACGTTGTAC	5160
	CACCAATCAC GCCACCAAGT CCTGGTGTCTG CACCAAATTC TTTAGCCGCA TTAATACCAG	5220

55

	GCGTAATCCA AGCACCTGAA ATATAGCCTG CCACCATTAA GTTACTCAGT ACTGCTGCAA	5340
	TACCACCAAT TAATCCAGCT CCAATAAATG CAGGAATCAA CGGTATAAAG ATATTGGCAA	5400
5	TTGATTTCOA TACTTTATTC AACTTACCAT TCTTTTGTTC TGCTTTATGC GCTTCCTTAT	5460
	TCGCCTTTGC TTTATCAGCT GCATATGATT TATAGTCCAT TTTTTCACCTA TCATTGTGAT	5520
	GGTGTGGTAT TGGGTACCT AGTTTAAACAC CACTTAATTC CGCCATATGA TTAGCCACTT	5580
10	TATTGatGTA CCAGGTCCAA CCACAACCTG AATGCGTTCA TCGTGATAA CACCCATGAC	5640
	ACCATCAATA TGCCTTAGTT CTTGGTCATC TACTTTATTC TCATCTAATA CTTTAATACG	5700
15	CACACGTGTC ATACAGTTCA TGACACTATC TATATTATCC ATACCACCTA CTGCAGCAAT	5760
	AATTCGTTCT GCAAGTTGTT GTTCTTTGGT CATTTAAATC CCTCCTAAGG TTGTCTATCT	5820
	CTGATTGCTC GTTTAAaATG TCACCATTGT TTAATAACCG TCTTGTTGCT TCTTCCTTAG	5880
20	AAATGCCACA CATACCATA ACTGTGCAA CTTTCACATC ATGCTCAGAT ACCTGATATA	5940
	ACGCCATTGC TTCATCATAT GTGATAGCAC ATATTCTTG AATAATACGC ACTGAACGGT	6000
	CGATCAGTTT TTGATTGGTT GCTTTAACAT CAATCATGAG GTTATCGTAA ACTTTTCCGA	6060
25	CACCAACCAT TGTGATGGTT GAAATCATAT TTAaAATTAA CTTTGTGCT GTACCAGACT	6120
	TTAAACGTGT TGAACCAGTT AATACTTCTG GACCAACTTT AACTTCTACT GGATaCTGCG	6180
	CAATTTCACT TATAACTGCA TGTTCAATTGC ATGAAATAGA TACTGTTGTA GCACCGATTG	6240
30	TGTTAGCAAA TGTTAAACCG CCTATAACAT ATGGCGTTTT GCCACTCGCG GCAATTCCTA	6300
	TAACGACATC TTTTGATGTT AAATCTATAT TTTTCAAATC TTCTTCGCT AATTTTTTGT	6360
35	GATCTTCCGC ACCTTCTACA GCCATCGTCA TAGCATGTTG TCCACCAGCA ATAATACCTA	6420
	TAATTTTCATG AGGGTCAGTA TTGAATGTAG GTACACACTC CGCTGCATCT AAGACACCCA	6480
	ACCTTCCACT TGTACCTGCA CCGATATAAA TCAATCGTCC ACCCTTTTTTA TACTGTGCAA	6540
40	TTGTTTTTTTT AATTACTTTT GTCAATTGTG GTATTGCCTT TCGAACTGCT AACGGGACTT	6600
	GCTGATCTTC TTTATTCATC GTAATTAAAG CCTCTTCCAC AGTCATTTCA TCAAGATGCA	6660
	TCGTGCTTC ATTACGCGCT TCGGTCGTAC TATTTTCCAT CACTTCTTAC ACTCCCTAGT	6720
45	TTTTTGAAAA TCAATGTAT CATTGGGCTC GATACAACCT AACAGTGGTA AGTCTTCTTT	6780
	AATAATTTGT GCAaCAACAT TCACATTGTC ATGTGCACTA AGCGTTTGTC TCACAATTTG	6840
	CATTTGCGCT TGATAACGTC CGTTATTCAA ATTATCAACG GTTACTGAAC CAATGCGTCG	6900
50	TGCGTCGTA AACTGTGGTT GAATCGAATG TGGACATATT TGTCTTGACG TTTCCGAACG	6960
	AATGACATTT TCCGGATTAT CCGGGCGTAC TTTATGACAC ATATCGAAAA GGTAAGTCAC	7020

55

EP 0 786 519 A2

AAGTTGTTTT GCCTGCCTCA TTTCAATCAA TGAGTCTCCA ACTAACACTT CAGATACACC 7140
 AGTTTCTTGT AATAATTTAG CTGCAACGAC AGGATGACTA TGTCTCGTTG CTTCAATTGT 7200
 5 TGGCAAGCCT TTATGCAAAG GACCTCGCAA ATCACTCCCT ACAATAAAAC CATATATTTG 7260
 TGCCTTTGGA TTAAATTGAT AAATGAGTTC ATTTTCTTA TTGACCAAGT CAACAGATAA 7320
 10 TCCCGTATCT GGTCTTGAT AATAGTTATG ACAAAATGAA AGTAATGTAA AATCATTCAA 7380
 TTGTTGATGT AAGCTTGTTA ACAATTCCCG GGAAATAATA CTTGCATTCA AACAGCACTT 7440
 TAAACCCTGT GCCATTATCG CTTGATTGTC CTCAATTGAT GTACTATGAT CGATACGAAT 7500
 15 CATAAATTGT GCATCATATT GTCGAAGATG GTCATAAAAA GATGGTGTTA AAATAGATGG 7560
 ATTAGCATCT ATGAGGTAAG TCACTTGTTT ATGTTTTAAT AAATTGAGTA GTTTTGTGAA 7620
 ATAATGATAT TTTGTCTCGT CATCTTCTTC TGGTATTTGT ACAGATGTAA AAATCATTG 7680
 20 GTAACCTGT TTAATCATTG GCTTAATATA CGCTTCATCT AAAGGTTGTC CTAAATACAC 7740
 TGAAAGCCT GTCAAAGTAG CCCTCCTTAA CAATATAATT ATTAGGAAAA TATAGTTGAT 7800
 TTGTGTAATC GCTTACATTT TACTATAAGA GAAAACACAT TACAATATTA ATCAGTTAAA 7860
 25 GCCTGTTTAT TGAATAATC TTACATATTT CTGTCACAAG TTAATTATTA CACCATCAAA 7920
 GATTATCCTT TCTTTTAAGT GCTGATAATA GCTGCTACTG CTGGATTATT ACAATAACTT 7980
 TTATACATTT TATTCAGGAT TATCTTATAT TATGTTTTAA TAATAATCTG TGAACAATTA 8040
 30 AGAGATTTGA AATTGAATTT AATAATTGTA TTGAAAACGC ATACTTCACC ATGCTAAAAT 8100
 AGGAGTCGCA AACAAATAAG ATTCAATAAG ATGTGATGGT TACCAACACA GTCTATTTGC 8160
 35 TCGTGTCTTT TTTTATTGAA TCTTAAATAA TAAATACAAC TTTGGAGGTT GGACAAGTGA 8220
 GGAAGAAACT TTTGGTCAA TTGCAACGTA TTGGTAAAGC GCTAATGTGA CCTGTTGCGA 8280
 TTTTACCAGC AGCTGGTCTG TTATTAGCTA TCGGTACAGC TATGCAAGGT GAATCATTAC 8340
 40 AACACTACTT GCCGTTTATA CAAAATGGTG GCGTACAAAC TGTCGCTAAA TTAATGACAG 8400
 GTGCTGGTGG TATCATTTTT GATAACTTGC CTATGATTTT CGCATTAGGT GTCGCAATCG 8460
 GATTAGCTGG CGGTGATGGC GTAGcAGCTA TCGCAGCATT CGTCGGTTAC ATAATCATGA 8520
 45 ACAAACAAT GGGCGACTTT TTACAAGTTA CACCTAAGAA TATTGGTGAT CCAGCGAGTG 8580
 GTTACGCTAG CATTTTAGGT ATCCCAACAT TACAAACAGG TGTGTTCCGG GGTATTATAA 8640
 TCGGGGCCCT GGCAGCTTGG TGTTATAACA AGTTCTATAA CATTAACTTA CCATCTTATT 8700
 50 TAGGTTTCTT CGCTGGTAAG CGTTTCGTAC CTATTATGAT GGCTACAACA TCATTATTTT 8760
 TAGCATTCCC AATGGCATT AATTGGCCAA CGATTCAATC AGGATTAAAT GCATTGAGTA 8820
 55

EP 0 786 519 A2

	TATTAATTCC ATTCGGTCTA CATCACATTT TCCACGCACC GTTCTGGTTC GAGTTTGGTT	8940
	CATGGAAAAA TGCAGCTGGT GAAATTATTC ACGGTGACCA ACGTATCTTT ATCGAACAAA	9000
5	TTCGTGAAGG CGCACATTTG ACAGCTGGTA AATTCATGCA AGGTGAATTC CCTGTTATGA	9060
	TGTTCCGTTT ACCTGCAGCA GCTTTAGCAA TTTATCACAC AGCTAAACCT GAAAATAAGA	9120
	AAGTAGTAGC AGGTTTAAATG GGTTCCTGCTG CTTTAAACATC ATTCTTAACT GGTATTACAG	9180
10	AACCATTAGA ATTCTCATTC TTATTTGTAG CACCATTATT ATTCTTTATT CACGCaGTAC	9240
	TTGATGGTTT ATCATTCTTA ACATTGTACT TATTAGATCT TCATCTAGGT TATACATTCT	9300
15	CAGGTGGTTT CATCGACTAC TTCTTACTCG GTATACTACC TAATAAGACA CAATGGTGGT	9360
	TAGTCATTCC TGTAGGTCTT GTATACGCAG TTATTTACTA CTTCGTATTG CGATTCTTAA	9420
	TTGTAAAATT AAAATACAAA ACACCAGGTC GTGAAGATAA ACAATCACAA GCGGCTACTG	9480
20	CTTCAGCAAC TGAATTACCA TATGCAGTAT TAGAAGCTAT GGGTGGCAAA GCAAACATTA	9540
	AACATTTAGA CGCTTGATC ACACGTCTAC GTGTTGAAGT TAACGACAAA TCTAAAGTTG	9600
	ATGTTCCCTGG TTTGAAAGAT TTAGGCGCAT CTGGTGTATT AGAAGTCGGC AATAATATGC	9660
25	AAGCAATTTT TGGTCCTAAA TCTGACCAAA TCAAACATGA AATGCAACAG ATTATGAATG	9720
	GTCAAGTAGT AGAAAATCCT ACTACTATGG AAGACGATAA AGACGAAACT GTTGTTGTTG	9780
	CAGAAGATAA ATCTGCAACA AGCGAATTGA GCCATATCGT GCATGCACCA TTAAGTGGTG	9840
30	AAGTAACACC ATTATCAGAA GTGCCTGATC AAGTGTTGAG CGAAAAAATG ATGGGTGACG	9900
	GTATCGCTAT CAAACCTTCA CAAGGTGAAG TTCGTGCACC ATTCAACGGT AAAGTACAAA	9960
35	TGATTTTCCC AACAAAACAT GCAATTGGTC TTGTATCAGA TAGTGGTTTA GAACTATTAA	10020
	TCCACATCGG TTTAGACACT GTTAAATTAA ACGGAGAAGG CTTTACTTTA CATGTTGAGG	10080
	AAGGTCAAGA AGTTAAACAA GGTGATTTAT TAATCAACTT TGATTTAGAC TACATCCGCA	10140
40	ATCATGCAAA GAGTGATATT ACGCCTATTA TCGTGACACA AGGAAACATT ACAAACCTTG	10200
	ATTTTAAACA AGGTGAACAT GGCAACATTT CATTTGGCGA TCAATTATTT GAAGCTAAAT	10260
	AATGCTTACT ATAAACAGGT GCGTATACCT TCATAAGGTG ACGCGCCTGT TTTTCTTTG	10320
45	CTATTGTATT TTGCAGCATC ATTGATAGTT CGCTCTCCCC TTAAATTTTG AATTTTAAGA	10380
	TCATCAATTA AAGCCCCCT TCATACTCAT TTCCTAAAAA ATATTAATTG TTCACTATTG	10440
	TTAGCGTTTT CACAACAAAG TCAACTTCCT TGACCTTACA CTATATTCGA GGCTATCATT	10500
50	TTAAGTGTA ATATAGAGAA AAGGTGGCTT TTTTATGAA ACAACGCATT GGAGCTTACT	10560
	TAATTGACGC TATTCATCGA GCAGGCGTCG ATAAAATTTT TGGTGTTCTT GGTGATTTTA	10620
55		

EP 0 786 519 A2

ATGAATTAAA CGCAAGTTAC GCAGCGGACG GTTATGCCCG TCTTAATGGA CTCGCTGCAT 10740
 TAGTTACTAC ATTTGGTGTG GCGGAATTAA GTGCCGTCAA CGGTATCGCA GGTTCATATG 10800
 5 CTGAACGCAT ACCTGTCATT GCGATTACAG GTGCCCGAC ACGTGCTGTT GAACAAGGCG 10860
 GTAAATATGT ACATCACTCA CTTGGTGAAG GTACATTTGA CGACTATCGA AAAATGTTTG 10920
 CACATATAAC CGTTGCACAA GGTATATCA CACCTGAAAA TGCAACAACC GAAATACCAC 10980
 10 GTTTAATTAA TACAGCAATC GCCGAAAGAC GCCCAGTTCA TTTACATTTA CCAATCGATG 11040
 TCGCAATCTC TGAAATTGAG ATACCGACAC CATTGAAGT GACGGCAACT AAATATACGG 11100
 ATGCATCAAC ATATATAGAG TTATTAGCAA CTAACTGCA TCAAGCGAAG CAGCCTATCA 11160
 15 TCATTACTGG ACATGAAATT AACAGTTTTC ACCTCCATCA AGAATTAGAA GATTTTGTA 11220
 ATCAAACACA GATACCGTA GCACAACCTT CATTAGGAAA AGGTGCTTTT AATGAGGAAA 11280
 20 ATCCATATTA TATGGGTATT TACGATGGGA AAATGCGA AGATAAATA CGAGATTATG 11340
 TGGACAACAG CGATTTAATT TTAAATATTG GAGCCAAATT AACAGATTCA GCAACAGCAG 11400
 GTTTTTTATA CCAATTCAAT ATCGATGATG TCGTTATGTT AAATCATCAC AATATCAAAA 11460
 25 TTGACGATGT TACAAATGAT GAAATATCTC TACCATCATT GTTAAACAG TTATCCAATA 11520
 TTTATATAC GAATAACGCA ACGTTCCCTG CGTATCATCG TCCAACATCA CCCGATTATA 11580
 CTGTTGGCAC AGAACCATTA ACACAACAAA CTTATTTTAA AATGATGCAA AATTTCTTAA 11640
 30 AACCAAATGA TGTCATCATT GCTGATCAAG GTACATCATT CTTTGGTGCT TATGATTAG 11700
 CATTATACAA AAACAATACT TTTATAGGGC AACCGTTATG GGGTTCTATC GGCTATACAT 11760
 TACCTGCAAC ATTAGGTTCA CAATTAGCAG ACAAGATCG TCGTAACTTA TTATTAATTG 11820
 35 GTGATGGCTC ATTGCAACTA ACTGTTCAAG CTATTTCAAC TATGATTAGA CAGCATATTA 11880
 AACCGGTATT ATTTGTGATT AATAATGACG GCTATACGGT AGAACGACTT ATTCACGGCA 11940
 40 TGTATGAACC TTATAATGAA ATTCACATGT GGGATTATAA AGCTTTACCA GCTGTATTTG 12000
 GTGGTAAAAA TGTTGAAATT CATGACGTTG AATCATCAA AGATTTACAA GACACGTTTA 12060
 ATGCAATTAA TGGTCATCCC GATGTGATGC ATTTGTGCGA AGTCAAATG GCTGTGGAAG 12120
 45 aCGCACCGAA GAACTCATC GATATCGCTA AAGCTTTTTT ACAACAAAT AAATAATTTT 12180
 ATCGTATACA GGGTATAAGT TTAAGCGAAT ACTTTATTAA ACGAATAGGA CTCTGATATA 12240
 AGATGATTAA TTTTAATAAA ACCGCTTTAG TGTTAATCGA CCTGCAAGAA GGTATTCTTA 12300
 50 AAATGGATTA TGCCCCATAT ACAGCTGAAA ATGTCGTTCA AAACGCTAAT AAATTAATAG 12360
 ATGTTTTTAG AAAAAACAAT GGCTTTATCG CTTTGTTCG CGTGAATTC TATGATGGTA 12420

55

EP 0 786 519 A2

	AGTCGTTTCC ATCATTATT AGACAAGAGA GATGACGATT TTGTCATAGA CAAACGACAT	12540
	TTTAGTGCAT TTGTAGGAAC AGATTGGAC TTACAATTGC GACGTCGAGG AATTGATACG	12600
5	ATTGTTCTTG GTGGTGTCCG AACGCATATT GGCGTAGATA CGACAGCGCG AGATGCCTAT	12660
	CAATTAACT ACAATCAGTT TTTTGTACA GATATGATGA GTGCACAAA CGAAACGCTA	12720
	CATCAATTC CAATAGATA TGTATTCCCA TTGATGGGAC AAACAATAAC TACAAACGAC	12780
10	TTTCTAAATA TATTGAACTA AACATATACT TCCCCCTTC GATCATGTTG AGGGGGATCT	12840
	TTATTTTACA AAGTATTAAT ACGTCGGGTT GTCTAACCTT CTATATTTAA CATATTCTAT	12900
	ATCTGTTAAA TCGTTCTTAA CTTACGCCCC TACTACATAA AAAACAGTAT TTATTCCGGA	12960
15	ATTTTCAAAA AATTTAGTAT TTATTGCAAA ATTATGTATC ACTTTATGTT TAATTTTGA	13020
	TATTATCTTA ATTAAGTAGA TTTTATAAG TTCTAAAAAG GAGAACAAAT ACATATATGA	13080
20	AGAAGAACT AACATTTAAA GAAAACATGT TTATAGGTTT TATGTTATTT GGTTTATCT	13140
	TTGGTGCCGG CAATCTTATC TTCCCAATAC ACTTGGGTCA AGCTGCTGGT TCTAACGTTT	13200
	TTATCGCTAA CTTAGGATTT TTAATTACAG CAATTGGCTT ACCATTTCTA GGTATCATTG	13260
25	CTATTGGCAT TTCAAAGACA TCTGGTTTAT TTGAAATTGC ATCGCGTGT AATAAACAT	13320
	ATGCTTACAT TTTCAGGATT GCCTTATATC TAGTTATCGG ACCATTTTTC GCCTTACCTA	13380
	GACTGGCAAC GACATCATTT GAAATTGCAT TTTCGCCATT TTTATCACCA AAGCAAATCA	13440
30	CTTTATATTT ATTTATTTTT AGCTTCGTCT TCTTTGTGAT TGCATGGTTT TTTGCGAGAA	13500
	AGCCATCAAG AATTTTAGAA TATATCGGTA AATTTTAA TCCGGTATTC TTAGTATTAT	13560
	TAGCAATTAT TTTATTATTT GCTTTTATCC ATCCATTAGG TGGCATATCT GATGCACCTA	13620
35	TTAGTAAACA ATATCAATCA CATGCCTTAT TTAACGGCTT TTTAGATGGA TACAATACCT	13680
	TAGATGCGCT AGCGTCATTG GCATTTGGTA TTATCATTGT TGCAACGATT AAAAAGTTAG	13740
40	GTATCGAAAA TCCAACGTAT ATCGCTAAAG AAACAATTAA GTCTGGTACT ATCAGTATCA	13800
	TTATGATGGG GATCATTTAT ACCCTACTAG CAATCATGGG TACATTAAGT ATTGGTCATT	13860
	TCAAACCTAG TGAAAATGGT GGTATTGCCT TAGCGCAAAT TACTCAATAC TACTTAGGTA	13920
45	ACTACGGTAT CGTCCTGTTG TCACTTATCG TTATGGTTGC TTGTTTAAAA ACAGCCATCG	13980
	GTTTGATTAC GGCATTTTCA GAAACATTCG AACACCTTTT CCCTAAAATG AATTACCTAG	14040
	CGATTGCAAC AGTTGTAAGC TTTATTTGCT TCTTATTCGC GAATGTTGGT TTAATAAGA	14100
50	TTATTATGTA CTCAGTCCCA GTGTTAATGT TCTTATATCC ATTAGCAATT GCCTTGATTG	14160
	TACTAACATT ATTTAGTAGC AAATTCATC ATTCAAACT TATTTATCAA TGTACCATT	14220

55

EP 0 786 519 A2

GCACATCATT CTCACAACT TTGATTAATT TCAGCCAAAA ATATTTACCA TTATCAGACA 14340
 TTGGTATGGG CTGGGTTGTT CTCAGTTTGA TTGGTTTCAT TATCGGCTTC ATTATTTATA 14400
 5 AAATTAAGCA TCGTAAAATT CCACAAGCAT AATACTATGC CACAGTCATA TGTAAACAT 14460
 ATGCTTGTGG CATTTTTTAT TCATACTACA TTAACTGCA ATCGTATACA TACATATCAA 14520
 TGATTATCCA CAAAAAATAT TAGTACTTTC ATTTTACAAA TCACATTAAT ACAAACACAA 14580
 10 CCTTATCTTT ATATTATTAA ATTTATATTT GACACTTATA TTGAACAACT GTAATATATT 14640
 AATATTAATT CTTTAAAATG TATAAATATA AAGGAGGGAG ACCGATGaAT TCAATCATTG 14700
 aATTAAGTGA TTATTATAGC TCTAATAATT ATGCACCACT TAAGCTTGTC ATTTCTAAAG 14760
 15 GTAAAGGTGT CAAAGTTTGG GATACTGATG GCAAACAATA TATAGATTGC ATTTGCGGTT 14820
 TTTCACTGTC AAACCAAGGC CATTGTCATC CAACAATTGT TAAAGCGATG ACAGAACAAG 14880
 20 CTTCAAAGTT GTCTATCATT TCACGTGTCC TTTATAGTGA CAATCTCGGG AAATGGGAAG 14940
 AAAAAATTTG TCATCTTGCT AAGAAAGACA AAGTACTCCC CCTTAACTCT GGTACTGAAG 15000
 CTGTTGAAGC AGCCATTAAA ATTGCTAGAA AATGGGGCTC TGAAGTTAAA GGCATTACTG 15060
 25 ACGGACAAGT TGAAATCATC GCTATGAATA ACAATTTTCA CGGTCGTACA CTTGGCTCAT 15120
 TATCACTATC TAACCACGAC GCATATAAAG CAGGATTTCA CCCCCTACTT CAAGGCACTA 15180
 CAACAGTAGA TTTTGGAGAC ATTGAACAAT TAACACAAGC TATTTACCG AATACAGCAG 15240
 30 CAATTATTTT GGAACCAATT CAAGGTGAAG GTGGCGTTAA TATACCACCG AAAGGATATA 15300
 TTCAAGCTGT GCGTCAACTA TGTGATAAAC ATCAAATATT ATTGATTGCA GATGAAATTC 15360
 AAGTTGGTCT TGGTAGAACT GGGAAATGGT TTGCTATGGa ATGGGAGCAA GTCGTTCCAG 15420
 35 ACATTTATAT TTTAGGTAAG GCATTGGGTG GCGGCTTATA CCCTGTATCT GCTGTACTTG 15480
 CAAATTAATGA TGTCATGCGT GTTCTAACAC CAGGTACACA TGGTTCAACA TTTGGTGGTA 15540
 40 ACCCTTTAGC CATTGCAATA TCGACGGCAG CGCTTGATGT ACTTAAAGAT GAACAACTGG 15600
 TTGAACGATC AGAACGCTTA GGTTCATTTT TATTAAAAGC GTTGCTACAA CTTAAACATC 15660
 CTAGTATTAA AGAAATTAGA GGTGCTGGTT TATTTATAGG CATAGAGCTT AACACAGATG 15720
 45 CTGCACCTTT TGTGGATCAA CTGATTCAAC GTGGAATCTT ATGCAAAGAC ACGCATCGTA 15780
 CTATCATTCG ATTGTCTCCA CCTCTAGTCA TTGATAAAGA GGAAATCCAT CAAATTGTTG 15840
 CAGCTTTTCA AGACGTTTTT AAAAATTAAC AATTAATCAT TTATATATGA CATAGGAGGG 15900
 50 ATTCATGATG ATTAAAGTAG GTATCGTTGG CGGTAgcGGT TATGGCGCAA TTGAATTAAT 15960
 TCGATTGTTA CAAACACATC CTCATGTAAC GATTGCACAC ATCTACTCAC ATTCAAAGT 16020

55

EP 0 786 519 A2

ACTTACAGTG GaTAATAATG ACTGTGATGT AATTTTCTTT GCGACACCAG CACCCGTAAG 16140
 TAAACATGT ATCCCTCCCT TAGTAGAAAA AGGTATTCAT GTTATCGATT TATCTGGCGC 16200
 5 ATTTAGAATT AAGAATCGTG AAATATATGA AGCATATTAC AAAGAACTG CTGCAGCACA 16260
 AGATGATTG AATCATGCTA TTTACAGCAT TTCAGAATGG CAATCGTTG ATAACAATGG 16320
 AACGAAGCTC ATTTCTAATC CTGGCTGTTT CCCTACAGCA ACATTATTAG CATTACATCC 16380
 10 ACTTATTAGC GAAAAAATAG TAGATTTGTC ATCTATTATT ATTGATGCTA AGACCGGCGT 16440
 GTCAGGTGCT GGTGTTTCAT TATCACAACG gTtCATTtTT CAGAAATGAA TGAAAATCTA 16500
 15 AGCGCTTATG CAATCGGAAA CCATAAACAC AAACCGGAAA TCGAGCAATA TTTATCTATC 16560
 ATTGCGGGTC AAGATGTATC AGTCATATTT ACACCACATC TCGTACCAAT GACACGAGGT 16620
 ATTTTATCAA CAATATATGT CAAATTATCA TCTGAATATA CGACTGAATC ATTACATAAA 16680
 20 TTAATGACCT CTTATTATGC TAATCAGCCA TTTGTCAGAA TTAGAGATAT TGGGACTTTT 16740
 CCAACCACAA AAGAAGTACT CGGTAGTAAC TACTGCGATA TCGGCATCTA TGTAAGTAA 16800
 ACAACGCAAA CAGCAATTTT AGTATCAGTG ATTGATAACC TTGTCAAAGG CGCAAGTGGG 16860
 25 CAAGCCATTC AAAATTTAAA TATATTATAT GATTTTGAAG TGACGACTGG CCTAAATCAA 16920
 TCACCAGTTT ATCCATAAGG GGTGTTAGAA TGAAACATCA AGAAACGACA TCACAACAAT 16980
 ATAACTTTTC AATTATTTAA CATGGCGATA TCAGTACACC TCAAGGCTTC ACGGCTGGTG 17040
 30 GTATGCACAT CGGTTTACGC GCTAACAAAA AAGACTTTGG GTGGATTAC TCATCGTCTT 17100
 TGGCAAGTGC AGCTGCCGTA TATACTTTAA ATCAGTTTAA AGCTGCACCA CTTATTGTCA 17160
 CTGAAGACAC TTTACAAAAG TCTAAAGGAA AATTACAAGC ACTTGTGTGT AATTCAGCTA 17220
 35 ATGCAAAATC TTGTACCGGT CAACAAGGCA TAGATGATGC ACGACAAACA CAAACATGGG 17280
 TTGCTCAACA ACTTCAAATA CCATCTGAGC ATGTTGCTGT TGCTTCAACT GGGGTCATTG 17340
 GTGAATATTT GCCTATGGAT AAAATTAAGA CTGGGACCGA ACATATTAAG GATGCTAATT 17400
 40 TTGCAACGCC AGGTGCGTTT AACGAGGCAA TTTTAACAAC TGATACCTGT AAAAAACATA 17460
 TCGCTGTATC ACTAAAAATC GATGGTAAAA CCGTTACAAT TGGTGGTAGC ACCAAAGGTT 17520
 45 CAGGTATGAT TCACCCAAAT ATGGCTACCA TGCTTGCTTT TATAACAACC GATGCATCGA 17580
 TTGAATCGAA TACACTTCAT CAATTATTAA AATCTTCGAC TGACCATACA TTTAATATGA 17640
 TTACTGTTGA TGGCGATACA AGTACAAATG ACATGGTATT AGTCATGGCA AATCACCAG 17700
 50 TTGAACACCA AATACTTAGT CAAGACCATC CACAATGGGA AACATTGTGT GATGCATTCA 17760
 ATTTTGTCTG TACATTTTTA GCTAAAGCTA TAGCCAGAGA TGGCGAAGGC GCAACAAAGT 17820

55

EP 0 786 519 A2

	CTATCGTAAG TTCAAATCTA GTAAAATCAG CTATTTTGG CGAAGATGCC AATTTTGGTC	17940
	GAATCATTAC AGCTATTGGC TACAGCGGAT GTGAAATTGA TCCTAACTGC ACATATGTTC	18000
5	AACTGAACCA AATACCTGTC GTTGATAAAG GTATGGCTGT ACTATTGAT GAGCAAGCTA	18060
	TGTCGAATAC ATTAACCTCAT GAAAATGTCA CAATTGACGT TCAGCTTGGT TTAGGTAACG	18120
	CTGCAGCGAC TGCATACGGT TGTGATTTAT CCTATGATTA TGTGCGTATC AACGCATCAT	18180
10	ATCGAACATA AGGTGGTGTT GGTTAGATGA AATTTATTGT CATTAAAATT GGTGGCAGTA	18240
	CACCTTAGTA CATGCATCCA TCAATTATTA ACAACATTAA GCATTTACGA TCAAACAACA	18300
	TCTACCCCAT TATCGTTCAT GCGGTGGCC CATTATTATTA TGAAGCATT TCAAACCAGC	18360
15	AAATCGAGCC ACACTTTGTT AATGGCCTAA GAGTGA CTGA TAAAGCAACC ATGACCATT	18420
	CTAAACACAC GCTCATTGCA GACGTTAACA CTGCATTAGT AGCTCAATTT AACCAGCACC	18480
20	AATGTTCTGC AATAGGCTTA TGTGGTTTGG ATGCACAGCT GTTTGAAATT ACATCTTTTG	18540
	ATCAACAATA TGGATATGTC GGTGTTCCGA CCGCTTTAAA TAAGGATGCT TTACAGTATT	18600
	TATGTACTAA ATTTGTACCT ATCATCAATT CGATTGGTTT CAATAACCAT GATGGAGAAT	18660
25	TTTACAATAT TAATGCTGAC ACGCTTGCCT ATTTTATTGC ATCATCATT AAAGCGCCTA	18720
	TTTATGTATT AAGTAATATT GCAGGTGTAC TCATCAATGA TGTGTATTATA CCTCAATTGC	18780
	CATTAGTCGA TATTCATCAA TATATTGAAC ATGGTGATAT TTATGGAGGT ATGATTCCCA	18840
30	AAGTGCTAGA TGCCAAAAAT GCGATTGAAA ATGGCTGTCC TAAAGTTATC ATTGCATCAG	18900
	GAAACAAGCC AAATATCATT GAATCTATTT ACAATAATGA TTTTGTGGC ACAACAATCC	18960
	TTAATTCATA ACTATGAAAT TAAGGCCTAA CAAGTTTGA CACGCGAGAT GATTCCAGTT	19020
35	CGATTATCCA TTGCGCTAAA ACATTTATTT ACCGTTTCATC TCGTTAACAA TTTTGAATAC	19080
	AGTTCGATAC AATATGAGAT GTAAAAAACT AATAACCTTT TACAAATTTG TTTATCAAAA	19140
40	TATTTTAAGT TTGCAAAGC TTTTATTGT GATTATTTTC ACAAATACT ATAATGAGGA	19200
	TAGTAAATAG AGAGGAGTCC TTAAGTTGAC GAAACGACAA ATGGGTATAT TCATTTATGC	19260
	TGGAATTATC GGTGGCTTGT TATCTGGAAT TGTAATAATTA GGTGGGAGG TCATGTTTCC	19320
45	ACCTCGCACA CCAGAACGTA ATGCAACGAA CCCACCTCAA GAGTTATTGC AACCAATTAGG	19380
	ATTTAGTAGT GAGTTTACGC ATCAAACATA TACATTTTCA AATATGGAAT TGCCTTGGGT	19440
	AAGCTTTATT GTCCACTTTA GTTTTCTAT CGTCATTGCA ATTATTTACT GCATATTAGT	19500
50	TAAAAAATAC GCTTACTTAG CAATGGGACA AGGTGCTGTT TTTGGTATTG CTATTTGGGT	19560
	ATTATTCCAC CTTATCATT TGCCAATCAT GCATACTGTA CCTGCTGTGT GGGATCAACC	19620

55

EP 0 786 519 A2

	AGTGCGACAA	CATTTTGTCT	ATCGCTATAA	ATTAAATTAA	TACACTGACT	AACATTAACG	19740
	TGAGTTTTAA	ATCATCGTTT	GAGTATGATG	ATTGATGCTC	ACGTTATTTT	ATTAAGTGAC	19800
5	ATGATATGAT	TCCAGCCAAC	TTACGTGAGC	ATTAAAGTCT	CAAATGCGTC	GTAACAAACT	19860
	ATTATTTTCG	GTAATTTCAA	TATTGCTCAG	TATATTTTAA	CCTTATCACT	TACTTTAATC	19920
	TCGTCATGAT	TTTGAATGAT	GCCATCGTGT	ATTCACCTTT	CATTTTTCCT	ATAAAAAAAC	19980
10	ATCTAACAGT	AAACATTTAG	GCAGTATAGT	TTAAATCAC	TGCGCAATGA	TACTGTCAGA	20040
	CGTCATATTA	ACTACTCAAT	AACTGAAATA	CAGACACTTT	TTTATAACCC	CAGGGTGCCT	20100
15	GTCCTAAGAA	ACATACCTGT	ACCATAAACT	GATCAAAAAT	AAATTGTTTG	AACTTCACCT	20160
	CACGTGATTG	ATAAAAGTGT	GATTGTGTCA	TATCATAAAT	GTCCAATCCT	TTGATTAAAC	20220
	CTTCACCAAT	CAATTTTGTA	AACTTTCTT	TTTGTGTCCA	TATTTGATAA	AAATCATTTA	20280
20	AACTACATAT	TTGATGTGCT	TCGTTTGTAG	AGAAACACGT	CACTAACGTA	CGCCAGTCTA	20340
	AACGTTGTGA	TATCTTTTCG	ATATCAATAC	CAACTGGTTC	TTTATCGACA	ACACACACGA	20400
	TATAAGGATA	ACTATATGAT	AAGCTCACAT	AGATGGGCTG	TCCATCACGA	TTGTGTTGAA	20460
25	CAATATCTGC	CTTACCTCGT	GGCGAAATGT	GATAATGCCA	TTCATGTGGT	AATAAACCTG	20520
	TGTCATGTTG	AATTCCATAT	TGCACTAAAA	TATCTCCCAA	TCTGTGCATG	AGTTTATCTT	20580
	GATTGTATCT	ATAGTTGACT	GTACGCGGTT	TTTTATATGA	CCAACGACTT	TGTGATATTA	20640
30	ATTCTTCAAT	ACTTTTCAAG	TTACTCTGTA	ATTGCATTAC	AAATACTGTC	ATAACTTTCC	20700
	CTACTTACTT	ATTGAATATT	GTTTGTATAT	ATTGTGCCCA	ATGATACAGC	CAATTGTTAG	20760
	TTATCGTTGG	CCATTTTTC	CTGATGTGAT	TCATTATTTT	TAATGTTAAT	GTTGTATCTA	20820
35	TCATTGCTAG	TTGTTGTTCA	CGGTCAACAC	TAGTTAATCC	AATCGTTTCG	TACATGTCTT	20880
	GTTTCTGTAA	AATTTTCAAT	AATGATTCAT	CGCTGACGAG	TTCAATTTCT	TTGCGCTTAA	20940
40	CGCATTCTAA	CAAAGATTTC	ACCGGCATTT	TATTAGGTGA	TAGCACATGG	TAAATGATTT	21000
	GTGGTGTGTT	GACCTGTGCT	AATGCGACAA	TTTGTCTTGC	AGTCGTATCC	ACAAAAGAAA	21060
	AATCTACAGG	CATTTTCAGC	ATGCTAACCC	CGATACAATC	CAGTTGTAAC	AAATCATTCA	21120
45	TTACCATTTGA	AAAACGGTTA	GTCTTTATAT	TTCTCATATG	CCATCTTCCA	TTGTAAGGAT	21180
	TCGTCAAATT	ACCAACACGT	ACAATCCGAC	CATCTAAGCC	ATTATTTTACA	GCTTCTAATA	21240
	CTTTTAATTC	ACTATAAAAT	TTGCTCCGTG	TATATGGTGA	TGTTAGTAGT	TGCCCTTTAT	21300
50	AGACATCCGC	TTsTGAAAAT	GTCACATCTT	CTGTGTCTAT	ATCAAAATAA	GTTCCACAC	21360
	TTATCGTAGA	CACATATATT	AACCTTGCAT	GATGTTGTTG	TGCCAAACGT	ATGACATCAA	21420

55

EP 0 786 519 A2

CACCTGCATG AATAATCGTA TCCATGTTTT CTGGTAAAAC AACATCATCC ATACACTCGA 21540
 AATCACCAAC AATGACTTCA ATGTTTGATA ACATTATTTT AACCGTCTCT TCTGAAAAAT 21600
 5 AATCATTTAA ATTCGTCATC AACTTATACC ATGCTATTTT CTCATTATCA GCACGTATGA 21660
 AACAATAAAT GCGATGACTG TATCCTTGTA GTACTTCAAT CAGATAAGCA CCTAAAAAAC 21720
 10 CTGTCGCGCC AGTCAATAGT GTATTTCCTA GAGGTGATG ACTTAGACTA TCCTCTAAAA 21780
 TACCCAAGTT ATAACGAGAC ATAACAATCT TTTGTAATTC CGAAAGATTA TCCGGTAATG 21840
 CAACTAATGA TTGTTGATTT TGGTACATAT AATTAACAAT CTGTCGCACG GTTTTATATT 21900
 15 GGTATAATGT CTGCATTGAA ATATGATGGC CAAATCGTTT TAAATGCGAG ACACTAACA 21960
 TCGCCTCTAA TGAGTTACCA CCAAGTTCAA AGAAATCATC GTCAACACCG ACATCATTTT 22020
 GTTTCATAC CTCTCCAAAT ACATCAACAA ATGTCTGCTC AATTTTATTA GAGGGTTCGC 22080
 20 TATACACTTT ATTAGACTGT TGTATAGGTG ATGGATTTGG CAAACGCGTA GTATCCACCT 22140
 TGTCAATTCGT GGTTAATGGC ATACAATCGA TATGCGTTAT AGTCTTAGGA ATCATATACT 22200
 TAGGCAGCTG ATCATTTAAA TATTGCTTCA AATCCTGTTT CACTTGTTGC TCTCCGACAT 22260
 25 AATAAGCATT CAATATATCA TCGGTATCAA AGTGACTTAC TGTTACAACA CAATCAGATA 22320
 TACCACGAAT AGCTAATATT GCATTTTCAA TTTTCATCAAG TTCAATACGG TACCCGTAA 22380
 CTTTCACTTG TTTATCTATT CTTCTAAAA ATTCAATTTG ACCATCAGAT GTATAACGTG 22440
 30 CTAAATCACC ACTATGATAC AACTTTCCTT TACCAAATGG ATTATTTTGC CATTTATCAG 22500
 CCATTAATTC TGGACGATTA ATATATCCTA TCGCTAACT ATCACCTGCA ATACACAACT 22560
 CGCCTGGCAT ACCAATACCG CATAACAAAC CATCTGACAT AATATACACT TGGATGTTAG 22620
 35 ATAAGGGTTT GCCAATTGGA ATCGTCTCAG GTATCAAATC ACCACAATGA TGTGACCAAT 22680
 ACGATGTGAT GACTGTTGAC TCAGATGGTC CATAGGCATT GAAATACGTG CCACAATGCT 22740
 40 TCTCAATATA TTTAACAAAG GATGCCGTAC TAGTTGCCCC GCCTGTAATC AACTTTTCAA 22800
 TATAAAAGTC TTCCATAACA CTACACATCT GTAACGGAAT CGACGCAACC GTCACACGAT 22860
 GCTTATTAAT GAGTTGTTGT AACTGTTCTG GATTAACACG TTCCTCTCTA TCTGGAATCA 22920
 45 CAAGCGTATG ACCATTTAAC AAACAACAAT AAATCTCCAT AACTGATGCA TCAAAAAACA 22980
 TATTTGCATG TTGCAAAAAT ACTTCATTGT CGCCTAATTG CAATTCAGTT GACCATGCAT 23040
 GCACTAAATT CAACAAATTT CGTGTGCGTA TGGCAACCCC TTTAGGCATC CCGGTGCTAC 23100
 50 CAGATGTGTA AATAGCATAC ATCTCATTAT CTAACATCGC TGTGTTTTCA AGTTGATTGC 23160
 CATGTAAATC ATCATATTGT TCATTTTCCT TTGATTCAAC AAAGCCTTTA GCATTTTCCA 23220
 55

	TAGCATCCTC	CAAAATTGCA	CCTTGTCGTT	TATTTCGGAAA	ATCAATATCG	ATAGGTATAT	23340
	AAGATGCACC	TACTTTAACT	GTCGCCAACA	TCGCCGCAAT	CATTTCAAAA	CTACGTTCTG	23400
5	TAAACAAGGC	AACCCGTTGA	CCATTGCCCA	CACCATTGTA	TAGGAGCATG	TGCGCAATGG	23460
	CATCCACATA	GTTGCGTAAT	GTTTCATACG	TCATTGTCAA	ATCATTTCATG	ACTAGCGCAA	23520
	CATGATTACC	TTGTCGTGAG	ACAACTTCAT	TAAAGTAACT	TATGATAGAT	TTATTTCCCG	23580
10	GGACATTAAG	CATTGCGATG	TTAACATGCG	TATTGACCCA	ATTTAGAAGT	TCCTCCGTGC	23640
	CGTTTGGTAT	ATCACAAATT	TGTAGTGTAT	CTTGATGCTT	CAAAATATAA	TCAATCATAA	23700
	TCATACATTG	ATTACCCATG	TGACGAACTG	TTTCTGAGTG	ATATAAATCG	GTATTATACT	23760
15	CGATATTGAT	TGTATAGTCA	TCGCGATCTT	CTTCAATGAT	GAAAGATAAA	TCAAATTTCTG	23820
	CCGTCACTGA	TTTGGGTTGA	ATGTGTGTTA	ATTTACTATG	CCCAAAATGA	GCATGATTCTG	23880
20	TTTCATTGTT	TTGTAGTACT	AACATGACAT	CAAATAATGG	ATTCCGTGAG	GCATCATGTG	23940
	ATTGATCTAA	GTCATTTACT	AAACATTCGA	ATGGGTATTC	TTGATGCTCG	TATGCCTCCA	24000
	AACTCATTTT	CTTAACCTCT	TGTAAAACT	GTGTCCACAT	TTTATCAGGT	GACGGTTGCC	24060
25	CTCTATATAC	CAACGTATTA	GCAAACATGC	CTAGCATTTG	CTCCGTGCCT	TTATGCATAC	24120
	GCGCACTCAT	CACACTACCG	ACAACAACAT	CATCTTTTCTG	AGCATATCTA	CTTAACAACG	24180
	TCATGACCAC	ACTCATAAAG	AACATAAAAT	CAGTAATTTG	ATGCTTTTCT	ACATACTTTT	24240
30	GAAGTAGCTG	TCTCATTTGT	TGATTCATTG	TAAATGACAT	CATTGCTCCA	TTTGTGTTTT	24300
	TAATATTTGG	TCTAACATAG	TCTGTCGGTA	AGCTTAAAT	AGGTACTTCA	TCTTTGAATT	24360
	GAGATAACCA	ATATTGTCTA	TGTTTTCGTCA	TATCACGATG	CGACATCCAC	TCATATAGT	24420
35	CTTTATATTG	CAATTTAAGT	GGTAACAATA	ATTTATGTTG	ATAAAGTGCG	TTAAGATCAT	24480
	TCAATTAATTG	TATATTACTC	ATACCGTCAT	TAATGATATG	ATGCGTATCT	ATAAAGAGGT	24540
	ATGCATGTAA	GGGACTTCTA	ATGTATCTCA	CTCTAATTTG	ACTTGGCTTT	TCCAAATTAA	24600
40	AAGGTGCTAC	AAATTGGCGC	ATGATTTCTT	GTTTCATCCG	AAAATGCGTG	TTAACTTCTT	24660
	CAAAGTCAAC	TGCAACATCT	GCCACAATAC	GTTGTGCGAAC	CTCATCATCT	ACAACAATAT	24720
45	ATTGTGTTCTG	TAAAATCTCA	TGTCGCGCTA	TCAAACGCTG	CACTGCTTGT	CGCAATTGAG	24780
	CTACATTAAG	TTCTGATGAT	AACCGCCATA	AAAAAGGTAC	GTTATACACC	GTATCTTTAT	24840
	GGTTTGATTT	CCATAATAAA	TACATACGCT	TTTGTGCAGA	GCTCAGCACA	TAATCATCTT	24900
50	TAACATATAGT	TTCTGGAATC	ACTTCATAGT	TTTGTTCTTG	AACCTTAGCA	ATCGCTTGTG	24960
	CTAGTTCAAA	TACAGTTGGC	TTTTGTAATA	AATCACCAAT	TTGTAATCGT	TTCCCAGTAG	25020

55

EP 0 786 519 A2

	AATTATCATG AATACCTACT TGATTACAT GTAAAATATC TGCAAAAATT TGGCATAGCA	25140
	AGTGTTCCGT ATCTGTACTC GGTGCTACAT AGGCATCCGT ATCGACATAG TCCATGATAG	25200
5	GCAATGCCTT CTTATCTAAT TTCCCATTAA TAGTAATAGG AATTGCTCA ATATGCATGA	25260
	AATTAACGG TATCATGTAC TCCGGTAAGG TCATACGTAA TTGTGATTGA ATCTTATTAT	25320
	GTGATAATGT ATGCATCGCT TCATAATAAG CAACGATATA CTGATCTTGA TCATGATTTT	25380
10	GAACAATAAC AACTGCTTTA TTAATACCTT GTATACGCTC GAGCGCATGC TCAACCTCTG	25440
	ACAACTCAAT CCTAAACCCT CGAATCTTAA CTGTTTGTG CTTTCGATAT AAATAATCTA	25500
15	TGTTGCCATC GGGTAACAAA CGAACGATAT CACCACTTCT ATACATCAGC TGaTTTATAT	25560
	TTGAATCTTT GATAAATTTA TCTGCTGTCA ATTCTGGCTG ATTTAAATAA CCTGCAGCTA	25620
	ACCCAAAGCC ACTTGACAT AATTCTCCAG GAATACCAAC GCCACACCGA CGCTCGCCTT	25680
20	GCATGATATA AACATGAGTA CCCAGAATCG GTTTACCAAT AGGAATACGA TTTGGAACCTT	25740
	TGTTAGGTAT ATTATACGTC GTTGTAATG TTGTATTTTC AGTTGGTCCA TAACCATTAA	25800
	TAATTTGAGG ATGCTTCGGT TTTTGATTAA GCAAATCCAC CCACTTAGCA TTCAATACTT	25860
25	CTCCACCAAT TAATAAATAC TTTAACGGTA CCAATACTTC TATTCGTTCA CTAGCAATCT	25920
	GATTAAATAA TGAGGAGGTT AACCACATAG TATTAACGTC ATTTTCATTG ATTAATTGTT	25980
	CTACCGCTAT TGGATTTAAT AATTGTTCTT TTTTAGCAAC AATCAGCTTT CCACCATTGA	26040
30	GCAATGCACC ATATATTTCA AATGTTGCAG CATCAAAGGC TATAGTTCCT GATAACAAAA	26100
	TCGTGCTCTC TTCATTTAAT GGTACATAAT GATTTTGATG GACCAAGCGA ACAATACCTC	26160
	GGTGCGGAAT TAGTGTCCTT TTAGGGTTAC CAGTTGTCCC CGACGTGTAA ATAACATAAG	26220
35	CATGATCTTC TAACGTGTTA CATTTAGAAA GATTATCAAT ATTTTCCAC GCTATCTTAT	26280
	TCAAATCAAT GTGATTAATA TTTTGTTTAC CATTTTCATA TAAAGCTTGG TACGTTATTA	26340
40	CAACTTTAGG CGTTACATCT TTTAAATGT ACTCCTGACG ATCACTTGGG TAGTTCGGAT	26400
	CAATTGGCAC GTAAGCCCCA CCAGCTTTCA ACACACCTAT CATCGCTATT ATCATCTCAA	26460
	TACTTTTTTC AGCTATGACA GCGACACGAT CATTAGGTTT AACACCATAC TGGTTTCTCA	26520
45	AACGGTGTGC TAAATCATTC GCGCGTGCAT TCAATGTTTG ATATGTTATA AACACTCCGT	26580
	CAAATGCAC AGCGACATGA TTCGGCGTTG CTTCAACTTG TTGCTCAAAT AAGGTAACAA	26640
	CTGTTTGC GC ATCATCTATC TCAGGCAAAC TTAAATTGAT ATCGTCATAT AATTGAATAT	26700
50	CACGTTCTGT CATCAAATTA AGTTCATCTA CAGTTGTTTG TTTATTTCCA TTTTCTTCAG	26760
	TAATTTGCAA ATAAATATTT CGAACTAAGT CACTCAGCGT CTCGATTGAG AGCAAATCAT	26820

55

EP 0 786 519 A2

	CTAAAGATGT ATGTGCATCA TGTATTTGAT GTACATCCTC AATAACATCA TTACAACAAG	26940
5	ACATCATATG ATGATAACAA TGAAAAATAG TCTCTAGTGA AAGCGAAGAC TTCGCGCACT	27000
	GTAATTGCGA CATATTTTGC AACACACATT TATTAAAATC TGTGTAAAA CGTTGACATA	27060
	CATCTTTTGC ATCGATTGTT AACGTTAACG GCACAATATT TCCGTGTAAA TCATTTGGTA	27120
10	AATGTGATGG TACATGTATA CCTAATGTGA CATCATGTTG TTGACTCATT ATATGATTAG	27180
	CTAAATACAC ACTAACAGCC AACGATGCCA TATCTATTGA TGTATATCA TCAATCAAAT	27240
	ACGTTTGATA TAAAGCTTGT TCAAATGGAT GCTTAATTGG AAAATAACTA TCAATATGGA	27300
15	TGTCAGAGTT ATTCTCTAAC CGAAAAATAGT TTGAGTCTAA TGCTATATGC GATGCATCTT	27360
	GATTGTCTTT ATCATCATTT CTATTTATAT GTGCATGCTG TCGAGTATTG TTAATAACAG	27420
	TATTGCCACG ATATGCATTG CATAATCAT CAAGAAaAAT ATCAATTTGA CTATCATCga	27480
20	AAATGGaCAC ATGAAAATCT aATAGTATAT ATGcAGCATC AGCGAACTGm AACAAATTAA	27540
	CTTTGAATAA AGGTGAATCA TTAAAATGGT AAGTACTTAA TTCTTGCTTA AAAAAAGCTT	27600
	CTAAATCATA GTTTGCGGAA GAAGATGGAA CTTGTTTTAT CTCAATAAAA GGCAGAAATT	27660
25	CATGAAGTAT CATTGTAAAA TTGTCATCGG TAGTAACATC AAAAAAATGT CTTATAGATG	27720
	CATGTTGTgC ACAATTGTcG ATAATGCATA CATCATTTTA GTAGCTTCAA CATTTTTAGC	27780
	GAGTTTAACC CAATACGCAT TACGGTGTGT CGTTGATTCT GTATTATTTT TGTATATACG	27840
30	AAAATATTCC TGTTGAAATC TCAAATTACC CATAATCATA AAAAGTCCTT CTTTCATATC	27900
	ATAATACTCA TTACTTACTG AAATTGCATG ATGATATGAT AACCGACGAA ATGTTAATTA	27960
35	ACTCGTTATG TAATGaTTAA TATaAAACAC CATTGCAAC ATATGAGCGA TATATTCTAC	28020
	CCTAAAATAC ATCTTGTATC ATCGTTACAA TTGGTATATT TTTCAATGTA AATTACATAC	28080
	ATCTTCGATA AATAGCACAC TACAAATCGT TAATCACTTT CTGTTGTTCA CATCTCATTG	28140
40	CAAACCTCAAT ATTGTTGTTA CAAAATATCC ATGAAGCAAG TTTATATTAA ACAAACAAC	28200
	CGCATAAAAC AATTGTTATC CTTAAATTTT AACAAATTCT TAATAAATTT ATCTCTATTT	28260
	TAATTACGAC CAAATTAATA GGTTTTCCAT ATAAAAAGAT GCATAAAATA AATATTTAAA	28320
45	TAAATTCAAT TTGTATTAC TTGTTTTTGT CCCCCAAATA CACCAGCAAC AAGCATGCTA	28380
	GCACCAATTG TTAAAACGAT AAACATATAC AGTCCCATTT GTAATGACGT TAAGAAAACA	28440
	CCCAACACAA TCCCTAACCT AGCTAGTGTT TCTGAAAAAT GAATACCTAA TGCATTAAC	28500
50	GCACTATATG TTCCTCTTTT AGCTTTAGGA ATAATTTTAA AGCGTTGTTC TGAAACTATA	28560
	GGCGAATAAA TAATTTCAAC TACAGTCGCA ATTATCATAA AAACAACATA TAAGCCAAAC	28620
55		

EP 0 786 519 A2

GCTTTTTTAA AATCTATTTT CAATACAACCT TTCGAGATTG AATACGTGAG TAAATGACG 28740
 ACGACCGTAT TAATCATTAG CAAGATTGCT AACATCTTAG CACCTGTAAT ATCATATGAA 28800
 5 CCTATACTTA TTGTTTCAAA CTGATCCTTT AGTCTAATAG CAATATATGA GGAGATTGAA 28860
 AATTCAACCA TCATGATGAT ACTGAACCCC GAAATCAATA ACATATAATT ACGGTCTTTC 28920
 AAAACTAATT TATAACTGCG AAATATATTC ATTATTTGTA ATTTTGGATA ACGACTTGCA 28980
 10 TGCCTCTTGT CATCACTTTG CTTTACTTGA TTTGGTCTT GAGGTAACCA AATATATAAA 29040
 ATAAAGAGTA CAATTAAAAA TATACAAGCT GCTATTAAGA AAAGTAGTAA CATACTGTAG 29100
 CCATACATCA AGCCACCTAA CAATGCCCCA ATAGCTACCG ATAAGTTTGT CATCCAATAG 29160
 15 CTAATCTTGT AAATATAATG TTCCACGTCT TCGGTAATTG CATCCATAAT TAATGTGTCC 29220
 ATAACGGGAA ATTGTAATCC CCAAACGATT GTAAATATGG CATATGCAAC ACAAAAACCA 29280
 20 ATAATTTGCC ACAATTGATG TGACCCAAAT ACGCCCATGA ACACAAGCAT TATCACCATC 29340
 GTCGCTTGAT AAATAAGTAC TAGCAACTTT TCGGAAATA TCTCAATAAG GTAACCAGAT 29400
 ATAATGGACA ATGGAAATTT nAGAACCACT AAACCAACAA GATATATACC GACAATTGAT 29460
 25 TGACTTAACA TATCTGTAA ATATAGTGCT ATAAACGGTA TAAATGCTGT CGTAATAATT 29520
 AGCTGTAAAA nATTGCTAAT CAATCGTACT TTCAA 29555

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 207:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 207:

AAAAAAAAAA AAAAaGGTG AATCTTTAAT TAAACACTAA TATTGTAAAA GATGTTAAGT 60
 40 AAACGCTTAA TGACACTTAT TTTTGA AAA TAATAGTAAT ATCATTTTGT TAAATGAAAG 120
 AATAAAGCTA TAATmATTAT AGAATAACTA TTTAAAGGAG ATTATAAACA TGCCAATTAT 180
 45 TACAGATGTT TACGCTCGCG AAGTCTTAGA CTCTCGTGGT AACCCAACTG TTGAAGTAGA 240
 AGTATTAACT GAAAGTGGCG CATTGTCG TGCATTAGTA CCATCAGGTG CTTCAACTGG 300
 TGAACACGAA GCTGTTGAAT TACGTGATGG AGACAAATCA CGTTATTTAG GTAAAGGTGT 360
 50 TACTAAAGCA GTTGAAAACG TTAATGAAAT CATCGCACCA GAAATTATTG AAGGTGAATT 420
 TTCAGTATTA GATCAAGTAT CTATTGATAA AATGATGATC GCATTAGACG GTACTCCAAA 480

55

AGCTGACTTA TTAGGTCAAC CACTTTACAA ATATTTAGGT GGATTTAATG GTAAGCAGTT 600
 ACCAGTACCA ATGATGAACA TCGTTAATGG TGGTTCTCAC TCAGATGCTC CAATTGCATT 660
 5 CCAAGAATTC ATGATTTTAC CTGTAGGTGC TACAACGTTC AAAGAATCAT TACGTTGGGG 720
 TACTGAAATT TTCCACAAC TAAAATCAAT TTTAAGCAAA CGTGGTTTAG AAAGTGCAGT 780
 AGGTGACGAA GGTGGTTTCG CTCCTAAATT TGAAGGTACT GAAGATGCTG TTGAAACAAT 840
 10 TATCCAAGCA ATCGAAGCAG CTGGTTACAA ACCAGGTGAA GAAGTATTCT TAGGATTTGA 900
 CTGTGCATCA TCAGAATTCT ATGAAAATGG TGTATATGAC TACAGTAAGT TCGAAGGCGA 960
 ACACGGTGCA AAACGTACAG CTGCAGAACA AGTTGACTAC TTAGAACAAT TAGTAGACAA 1020
 15 ATATCCTATC ATTACAATTG AAGACGGTAT GGACGAAAAC GACTGGGATG GTTGAAACA 1080
 ACTTACAGAA CGTATCGGTG ACCGTGTACA ATTAGTAGGT GACGATTTAT TCGTAACAAA 1140
 CACTGAAATT TTAGCAAAAG GTATTGAAAA CGGAATTGGT AACTCAATCT TAATTAAAGT 1200
 20 TAACCAAATC GGTACATTAA CTGAAACATT TGATGCAATC GAAATGGCTC AAAAAGCTGG 1260
 TTACACAGCA GTAGTTTCTC ACCGTTCAGg aaACAGAAGA TACAACAATT GCTGATATTG 1320
 25 CTGTTGCTAC AAACGCTGGT cAAATTAAAA CTGGTTCATT ATCACGTACT GACCgTATTG 1380
 CTAAATACAA TCAATTATTA CGTATCGAgA TGAATTATTT GAAACTGCTA AATATGACGG 1440
 TATCAAATCA TTCTATAACT TAGATAAATA ATTTTCTnTA TAATCAAATG CTGACATAAT 1500
 30 TTTAGTTGAG GATTATTATG ACGGTATAAA TAAATAAAG 1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 208:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 35 (A) LENGTH: 846 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 208:

CAATTTCTAT CTATCAATGA TGTGCATACT TCCanTTAAA TTAAtCGAAA TGaATCAAGG 60
 TATATCATTC CTGCCTCTTT ATATAACaAC AAATAGTGAT TACAATATTT CGGTTATTAA 120
 45 CACGAAAATT TTACAAGCAC CTATTTcATT TACATATATA TACAGCAAAA AAGAAAGCCC 180
 AGAAATATTG GTGTTTATTA AATCATTTAA AAAGTATATT GCCAATGAAC AATTATAATA 240
 50 AATTTCaAT CTAAAAACC AAGAATGCCA TTAATCATCA CATTCTTGGT TCAATTTTAT 300
 TCATGAATTT TTTCAACATT AAACGTTAAG TTATTGTCTG AATTTAAATT AACTTTAATC 360

55

CGTTGTACAA AACGTTTTAA TGGTCTTGCA CCGTATTGAG GTTCATAAGC TTCTTGACCT 480
 AGCCAAGCTT TAGCATCATC AGAAACTTCA ATTGAGATTC GTTGTCTTAA TAATCTTATA 540
 5 TTTAATTGCG TTAAGATTTT ATCTACAATC ATACTCATGT CATCAATAGA TAATGGTTTA 600
 AATAATACGA TATCATCCAT ACGATTCAAA ATTTCTGGTT TGAAATATGC ATTTAAACTT 660
 GTCATAACAG CTTTTTCTGT TGATTCTGTA ATTTACCAG TCTCTTTTAC GTTTTCTAAT 720
 10 AAAACTTGAG ATCCAATATT ACTTGTCATA ATAATAATAG TATTTTAAAT ATCAACGCTA 780
 CGTCCTTTAG AATCAGTTAA ACGGCTTCAT CTAAATTTG CAATAATACA TTAAAGACGT 840
 CAGTAT 846

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 209:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1674 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 209:

nTGGGAACAG TAAGCCAGTA TTTTtagAAA GTTGCCATAC ATGAGCGTCG ATTTTCCAA 60
 TATGGCTATG AACTAGAAC AATGGGAATT TGGAGGAAAA GTAAATGATT AAACCTAAAA 120
 30 TAGCATTAAc CATTGCAGGT ACTGATcCaA CAGGTGGTGC CGGCGTAATG GCTGATTTAA 180
 AATCATTTCa TTCATGTGGT GTATATGGTA TGGGCGTCGT TACAAGTmTT GTTGCTCAAA 240
 ATACATTGGG CGTAGAACAT ATTcATAATT TAAATCATCA ATGGGTAGAT GAACAACCTG 300
 35 ATAGTGTCTT CAATGATACC TTACCTCATG CTATTAAAAC GGGGATGATT GCTACAGCAG 360
 ATACTATGGA AACGATTTCGT CATTATTTAA TGCAACATGA ATCTATTCCA TATGTAATtG 420
 ATCCTGTTAT GTTGGCGAAA rCggTGATTc ATaATGGwTA ATGACaCAAg CaAAACTTGC 480
 40 AGCATaCGTT ATTGCCATTA GCTGACGTAG TAACACCGAA TTTACCAGAA GCTGAAGAAA 540
 TAACGGGACT AACCATTGAT AGTGAAGAAA AAATTATGCA GGCTGGCCGC ATCTTTATTA 600
 ATGAGATTGG TAGTAAAGGT GTCATCATTa AAGGCGGTCA TTCAAATGAT ACTGATATAG 660
 45 CAAAAGATTA TTTATTTACT AACGAAGGTG TTCAAACATT TGAAATGAA CGATTTAAAA 720
 CAAnACATAC GCATGGAACA GGGTGACAT TTTcAGCAGT TATAACGGCA GAACTTGCAA 780
 AAGGTAGACC ATTATTTGAG GCTGTACACA AGGCTAAAAA GTTTATTTCA ATGAGTATAC 840
 50 AATATACGCC TGAAATCGGC CGTGGTAGAG GTCCAGTGAA TCATTTTGCA TATTTAAAGA 900

TGTATACAA ACGATGTAGT TAAAAATTTT ACAGCGAATG GTTTATTAAG TATTGGTGCT 1020
 AGCCCTGCAA TGAGTGAAGC TCCCGAAGAA GCTGAAGAAT TTTACAAAGT TGCACAAGCG 1080
 5 CTATTAATCA ATATCGGTAC TTAAACAGCA GAAAATGAAC AAGATATTAT TGCGATTGCT 1140
 CAAACGGCAA ATGAGGCAGG CTTACCTATT GTATTTGACC CTGTAGCTGT TGGTGCTTCT 1200
 ACATATCGAA AGCAATTTTG TAAATTATTA TTGAAATCAG CGAAAGTATC AGTAATTAAA 1260
 10 GGCAATGCAT CTGAAATATT AGCGTTGATT GATGATACAG CAACTATGAA AGGTACAGAT 1320
 AGTGATGCTA ATCTTGATGC GGTTCGAATA GCGAAAAAGG tTACGCAACA TATAAACTG 1380
 15 CAATAGTAAT CACAGGTAAA GAGGACGTTA TTGtTCmAGA TAATAAAGCC TTCGTATTAG 1440
 CTAATGGATC TCCATTATTA GCACGAGTAA CTGGAGCTGG TTGTTTATTA GGAGGCGTTA 1500
 TTGCTGGATT TTTATTTAGA GAAACAGAAC CAGACATAGA AGCGTTAATT GAAGCGGTAA 1560
 20 GCgkATTTAA TATTGCTGCT GAGGTAGCTG CTGAAAATGA AAATTGTGGT GGTCTTGTA 1620
 CGTTTTCACC ATTGTTGCTT GATACGTTAT ATCATTTAAA TGAAACAACC TATC 1674

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 210:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2232 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 210:

35 ATGAGTTGCC GATGAATTTA GCACCACCAA CGATTGcNTT TGATACTGTG TCCCAACCAG 60
 CTTGTTTAGC ATATTTAATA CCTTCACGTA AAGGATCGTT ATCATATGCA GCAATACCAA 120
 ATACGTTATG GTATTTCTGT TTTGAGTTAG TTACAACTTT GThTTGCACT ACATCTGCAC 180
 40 CTTTcGCTAA TTGAGAAGTA CCGTTACCTG TTTCTAATAG GGCATGTGAG ATAAGATAAA 240
 CTTCAATTAAT GCCATACATT TGAGCAGCTT TGTAAATGC AGCACCTTGG TTTTCTAATA 300
 CACCTTTACC TTTAAGAAT TGATTAATTT TATCAATAGA AATATTTTGT GGTGGTCTA 360
 45 AGCGTAAGAA TTGATATTTT AATGCTGGAT CTTGAGCTAA ACGCTTCGTA TCCATTGCAT 420
 GCTTAACATC ATTAAATTTA GCATCTGTCC ACTTACCTGG TACACGTTGT ACTTGTGGTT 480
 50 TATATTGTAA ACCAGCTTGT ATTTGAGCAA CTTGGTTTAA TGTCATACCT GTTTGATTAT 540
 ACTTAATTA TTCTTTAGCT AAATCAGTTG ATTTAATCCA TGCTAATTTA CCGTTAGATA 600
 ATTTACCATA GTACCAAGTT TGTCCATTAA TGACTTGTTT TTTAACAACT GCGAATGGTT 660
 55

AACCATTACC ATTTTAAATT ACATAAGTGT AGTTATAATC TTTGGCAGCT GATGTAGTTG 780
 GTTTCACAGC AGTTGGTGCA GTTAAATCTT TTGCATTTAC CCAACCAGTG CGGTTATTAA 840
 5 TAGTACCGTA TAAATAAACA TCTTGCCTA CAGATACTTG TTTCGTTGCA TTAAATGTAC 900
 CTTGAGCAAT GTTATGCCT GTTAAATGA CTTGGTTTTT AGTACCCCAA GGAACCATTG 960
 10 ATAAGCCGTT ATTTGATTTA TTAACAGTAT ATTTTGTAGT CGTTTAACT TCTTGCCTA 1020
 AGTTTGAAC ATTTAAGTCT TTTACATTGA ACCAACCTAA TGGGATGTTA TGGCTTGTAT 1080
 TGTTTAATAA TACATACGTT TCATTACCAT GAGCACGCTC TTTTGTTACA TAGAACGTAC 1140
 15 GGTCTGCATA TTTCGCACCG TTTTCGCTG TTTTTCATA AACAGAAGCA CGAATACCAG 1200
 TGTGTTTGG TTTAACTGA GCAATCTTGC TAACTGTTTG AGTCGTTTGT GGTTTAGTAA 1260
 CAGTATAAGC TTTTACAGCT GTTTTGGTT GTGCTACTGC TTTTTAGGT GCAGCAGGTA 1320
 20 CAGCTAAATA TGCTTTACTT ACCCAACCAG ATTTACCATT TACAGTTCCA AATAAATAGA 1380
 TAGATTTATC AATTTGTTGT TGCTTAGTCG CTTTAAAGT TTGGTTACCT GTACCAGAAA 1440
 25 CTGCACCAGC TTCTTGTTA TAAGTGCCCC AAGGTACTGA ATATAATTTA GTGCCTGGgT 1500
 TTACTGTATA TGTTTGCAAT ACATTTACAG GTGATTTTGC ATtGtTATAA ATACGTCACC 1560
 TTGTTTAAACC CAACCAATTA AAGTTGGAAT ATTGTAATCT TTAACTAAGT AGAATTTGTT 1620
 30 TCCACCTAAA CTGCTTCTT TTGTTACAGC AAATGTTTTT TGAACCTCTT TCGTTGGCTT 1680
 ACCAGTTTGT TCATAAACTG TAGTGAATAA GCCATTGTTT TTAGCATTAA TTTGAGCAAC 1740
 ACCGTTTAAAT GATGAACTG TTAATTTATT ATTTGTTGTA GGTGTTGATG GCTTAGGTGT 1800
 35 TGGTGTAGGC GTAGGTTTAG CAGTATCAAC TAAATATGCT TTACTTACCC AACCAGATT 1860
 ACCATTCACA GAGCCATATA AATAAATTGA TTTATCAATT TGTTGTTGCT TTGAAGCCTT 1920
 AAATGTTTGG TTTCCAGAGC CAGACACACT ACCAGCAACT TGTTTAGATG TACCCCAAGG 1980
 40 TACTGTATAA AGTTTCGTAC CAGGTTTGAT TGAATATGAT TGATTTACAT TTACAGGTGA 2040
 TTTAGCTGTG TTGTAAACCA CATCGCCTTC TTTAACCCAA CCAAATTTAT TACCAGAATT 2100
 45 GTAATCTTGA ACAAGATAGA ATTTTGTATT ACCTAATGTA GCTGTTTTAG ATACAGCAAA 2160
 TGTTTTTTGA ACTTCATTAG TTGCTTTACC AGTTTTGTGCG TATACAGTAG TATATAAACC 2220
 ACTATTTGTT GG 2232

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 211:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2082 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 211:

5	GATTTAAATA AAATTAATGG ATATCGTGAT CGTACGATGT TAGAACTTCT GTACGCAACG	60
	GGAATGCGTG TATCTGAATT GATACATTTA GAGTTAGAAA ACGTGAACCT AATAATGGGA	120
	TTTGTACGCG TATTTGGTAA AGGCGATAAA GAAAGAATTG TACCATTAGG CGACGCAGTC	180
10	ATTGAGTACT TAACTACTTA TATTGAAACG ATTAGACCGC AACTTTTAAA AAAGACTGTT	240
	ACTGAAGTCT TATTTTTTAAA TATGCATGGT AAACCTTTAT CACGACAAGC AATATGGAAA	300
	ATGATTAAAC AAAATGGTGT AAAGGCAAAC ATTAAAAAGA CGTTAACGCC ACATACGTTA	360
15	CGCCACTCTT TTGCGACACA TTTATTGGAA AATGGCGCAG ATTTAAGAGC AGTGCAAGAG	420
	ATGTTAGGtC ACTCTGaCmT ATCTACTACC CmaCTCTATA CmCATGTTTC GrAATCTCAA	480
	ATTAGAAAAA TGTATAACCA ATTTTCATCCT AGAGCATAAA GTGAACAATA ACTCAAAAGT	540
20	CACAATACAC ATGACTAAAA ATGTCTGTGC TATTGTGGCT TTTTAAATT GGTTGATTAA	600
	TTACGTCTAT GTTTTCTTAA TTGAATCGCT TCTTCTTTTG CTGCAATCAC TTCTGAACGA	660
25	TCACGGCGCA TGTGATGGTC TACAATAAAA GGATCTGTTG CTGTTTCCTG ATTATAATCA	720
	TAGTCTGGAT AGTTGGCCTT GATGATGCGT TCAAAGACTG GAGTTATTGG TAATATAACA	780
	GATGAAAAAG GCTTTGCTGC ATTCAATTTT GCAATCTGTT GCTCAATTAA CAACTGATAA	840
30	TCATTTAAAT TAAGGTATAA CGCATCTCTA TCTTTAGCAT TTTGTATTAT TTCTTTAGAT	900
	TTATTAAGAAG ACTTATAGGC GCCTTTTAAA TTATTGCGGC GATAATGGTA ACAAGCAGTT	960
	GCAAACAAGA TTAAACTAAC AACTGCATCT TGCTTACTGT AGTTATTTTC AGCTTTCCAT	1020
35	GCATCTTCTA AAATGTCATG ACATAGGAAA TAATGTTGCT TAGTATGAAA TTGATAATAG	1080
	AAATTTATCA GTGCCTGTTG CATTTTGTTA TCACCCCAAT TTAAAAGTAA GTTATTTTCA	1140
40	TGCTATAATA TTTTAGAGAA TTATGCACAT ATGACGCAAT ACGAGGTAGA TATTATGTAT	1200
	GAAGTTAAAT TAGATGCTTT CAATGGACCA TTAGATTTAT TGCTGCATCT TATCCAAAAA	1260
	TTTGAAATAG ATATTTATGA TATTCCTATG CAAGCATTAA CAGAGCAGTA TATGCAGTAC	1320
45	GTTCATGCAA TGAAACAGCT TGAAATTAAT ATTGCAAGTG AATACCTAGT ATTAGCGTCA	1380
	GAACTCTTAA TGATTAAAAG TAAGATGCTA TTACCACAAT CAACATCAGA TATGGATGTT	1440
	GATGATGACC CACGGGAAGA TTTAGTtGGG CGTTTAATAG rATATCaAAA TTATArAGAA	1500
50	TATACTGctA TTTTAAATGA CATGAAAGAA GAAAGAGATT TTTATTTTAC CAAAAGACC	1560
	GACAGATTTA TctCATTTGG AAaCAGATGA ATCyTGGGAT CCaAATCATA CGATTGATTT	1620

55

ATCTGTTGAA ATCCGAAAAG AGACATTTAC CATTCAACAA GCTACAGAAC AAGTGACATC 1740
 GAGATTGAAA GATAAAGATC ATTTTAACTT CTTTAGTCTG TTTACGTTTT CTGAGCCAAT 1800
 5 TGAACAAGTA GTCACCTACT TTTTAGCTAT TTTAGAGATG TCAAAAGCAG GAATAATTAA 1860
 TATTGAGCAA CAACGTAATT TTGAAGATAT TAACATTATT AGAGGAGTGA ACTACCATTT 1920
 10 TGGATAATCA TGGTATATTA GAGTCGCTTT TATTACAGC TGGCGATGAA GGTTTAGATG 1980
 AAAACAACCT ATTAGAAATA TTAGATATGT CGAAAGACCA ACTCGTTGAA TTAATTGAAA 2040
 ATTATTCATC ACATGGATTA ATGATACAAC GATTTGAAT GA 2082

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 212:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4219 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 20 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 212:

TCTATTCTCG TTCTTCCAAG ACCCTGaATT AGAAGTTAAG AAAATCGAAG AAGATGAGAA 60
 AGAATCTATT AAAAAAGCTC AAAAAGGTAT TTATAAAGAC CCTAGAGACA TCAATGATGA 120
 30 CGAACAAGAT GATGATACAA AAGATACTGT TGATAAAAAG GAATGATTGT AATTGCCTAA 180
 CAAAAACACT CAAGAATATT GGAAGAACG CGGACGCAAA GCAATCGAGA ATGAGTTGAA 240
 GCGTGATAAA ACTAAAGCTG AAGAAATAGA ACGTATATTG AATATGATGA TTAAGCGCAT 300
 35 TGAAAAAGAG ATCaATGCGT TTATTGTCAA GTACGGAGAT TTTGCAGGCG TTACATTACA 360
 AGAAGCACAA AAGATTATTG ATGAGTTCTGA TGATAAAGCG TTTCAAGAAG AAGCAAAAAG 420
 ATTGGTCGAA AACAAAGGAGT TTAGCGATAG AGCAAATGAA GAATTAAAGA AGTATAACAC 480
 40 GAAAATGTAT GTATCTAGAG AACAGATGTT AAAGATTCAA ATAGAATTCT TAATTGCTTA 540
 TGCAACAGCT CAAACAGAAT TATCGATGAG GGAATATTTT GAATCAACAG CTTATCGTGT 600
 GTTCAGTGAT CAAGCGGGTA TTTTAGGTGA AGGTGTACAA GTAGCTAAAG AAGTTATAGA 660
 45 TACAATCGTT GATACACAAT TTCATGGTGT CGTTTGGTCA GAGCGATTAT GGAATAATAC 720
 CGAAGCAATG AAACAAGAAG TAGAAGAAAT AATTGCTAAT GTAGTTATTA GAGGTCGACA 780
 50 TCCTAATGAA TATGTTAAAG ATATGCGCAA cACTTAAATA AATTCGAAGG CACAGCACGA 840
 CAAAAGACCG CAGCAATTAA ATCATTGCTT TATACGGAAT CGGCACGTGT TCACGCACAA 900
 TCAAGCATTG ACAGCATGAA AGAAATTTCA CCGGAAGgAT ATTATATGTA TATTGCAAAA 960

55

	GACGCTAAAA TTGGTGTTAA TTTCTATCCT ATGCATATCA ATTGTCGTTT AGATTGCGCT	1080
	TTACTACCTA AATCTATGTG GCCGAAAAAA CCAAGCAAGA AACGAAAAAC AAAATACTTC	1140
5	GGAGGGAAAG TGAAAAGCGG TGATTGATTT AAAAGTGAAG TTTTTTAAAG GCAAGTTAGT	1200
	TTTGTATGAC AGTAAATTAA ATGTTTGGAG GATACTAATA TGAGTAATAC TGACAAATAC	1260
	CTTAGAGACA TAGCAAGAGA ATTAAGAGGT ATACGTAAAG AGTTACAAAA GCGAAACGAA	1320
10	ACAGTTATTA TTGATGCAAA CTTAGACAGT TTAAGGTCGG CAGTATTAGC CGATAAAGAA	1380
	AAATCGAAAT ATAATGAACC TCTCTTTTAA TAGCTAGCAC TTAATTGTGT TGGCTATTTT	1440
15	TTATGTCCAA AACGTGCTGA TGACATAAAA AGCACGCATG GAAAAACAGT CGACAGACTA	1500
	TAAATGGAGG TATATCTCAT GGAAGAAAAT AAACCTAAGT TTAATTTGCA aTTTTTTGCA	1560
	GACCAATCAG ATGATCCGGA CGAACCAGGC GGAGATGGTA AAAAAGGAAA TCCTGATAAG	1620
20	AAAGAAAATG ACGAAGGTAC TGAAATAACT TTCACGCCAG AGCAACAAAA GAAAGTTGAT	1680
	GAAATACTTG AACGTCGTGT AGCCCACGAA AAGAAAAAAG CTGATGAGTA TGCAAAAGAA	1740
	AAAGCAGCAG AAGCTGCTAA AGAAGCTGCT AAATTAGCGA AAATGAACAA GGATCAAAAA	1800
25	GATGAATATG AACGCGAACA AATGGAAAAA GAACTGGAAC AATTACGTTT AGAAAAACAA	1860
	TTAAACGAAA TCGGTTTCTA AGCACGAAAA ATGTTGAGTG AAGCGGaAGT TGATTCATCA	1920
30	GATGrGGTTG TCAATTTAGT TGTAACAGAT ACTGCTGAAC AAATAAATT GAATGTTGAA	1980
	GCTTTTTCTA ATGCAGTAAA AAAAGCGGTT AATGAAGCGG TTAAGGTTAA CGCTAGACAA	2040
	TCGCCATTGA CTGGTGGAGA TTCATTTAAT CACTCGACTA AAAATAAACC GCAAACTTA	2100
35	GCTGAAATAG CTAGACAAAA AaGAATTATT AAAAATTAAC GGAGGCATTT AAATGGAACA	2160
	AACACAAAAA TTAAAATTAA ATTTGCAACA TTTTGCAAGT AACAAATGTTA AACCACAAGT	2220
	ATTTAACCCCT GACAATGTAA TGATGCATGA AAAGAAAGAT GGCACGTTGT TAAACGACTT	2280
40	TACAACACCT ATCTTACAAG AGGTTATGGA AAACCTCTAA ATCATGCAAT TAGGTAAGTA	2340
	CGAACCAATG GAAGGTACTG AGAAGAAGTT TACTTTTTGG GCTGATAAAC CAGGTGCTTA	2400
	CTGGGTAGGT GAAGGTCAAA AAATCGAAAC GTCTAAGGCT ACTTGGGTTA ATGCTACAAT	2460
45	GAGAGCGTTT AAATTAGGGG TTATCTTACC AGTAACAAAA GAATTCTTGA ATTACACTTA	2520
	TTCACAATTC TTTGAAGAAA TGAAACCTAT GATTGCTGAA GCTTTCTATA AAAAGTTTGA	2580
50	CGAGGCAGGT ATTTTGAATC AAGGTAACAA TCCGTTCCGT AAATCAATTG CACAATCAAT	2640
	TGAAAAAACT AATAAGGTTA TTAAAGGTGA CTTACACAA GATAACATTA TTGATTTAGA	2700
55	GGCATTGCTT GAAGATGACG AATTAGAAGC AAATGCATTT ATCTCAAAAA CACAAAACAG	2760

EP 0 786 519 A2

	TGATTCGTTA GACGGTCTAC CTGTGGTTAA CCTTAAATCA AGCAACTTAA AACGTGGTGA	2880
	ATTAATCACT GGTGACTTCG ACAAATTGAT TTATGGTATC CCTCAATTAA TCGAATACAA	2940
5	AATCGATGAA ACTGCACAAT TATCTACAGT TAAAAACGAA GATGGCACAC CTGTAAACTT	3000
	GTTTGAACAA GACATGGTGG CATTACGTGC AACTATGCAT GTAGCATTGC ATATTGCTGA	3060
	TGATAAAGCG TTTGCTAAGT TAGTTCCTGC TGACAAAAGA ACAGATTGAG TTCCAGGAGA	3120
10	AGTTTAAATAA ATAATTAGGA GTGGTAACAT GCCCGAAATC ATTGGAATTG TTAAAGTAGA	3180
	TTTTACAGAT TTAGAAGATA ACAGACATGT CTATATGAAA GGGCATGTCT ACCCTCGTAA	3240
15	AGGTTATAAT CCTACAGATG AACGTATCAA AGCTTTAGCT AGTGTGAAA ATAAACGCAA	3300
	CAAACAAATG ATTTACATTG TAAATGACAA ATTAACCAAA AAAGAACTTG TCGAAATAGC	3360
	AAGTGTGCT GGCTTACAAG TTGATGAAAA ACAACAAAA GCTGAAATTA TCAATGCTTT	3420
20	TGAGTCACTA GAGTAGGTGG TTATATGACT ACGCTAGCTG ATGTAAAAAA ACGTATTGGT	3480
	CTTAAAGATG AAAAGCAAGA TGAACAATTA GAAGAAATCA TAAAAAGTTG TGAAAGCCAG	3540
	TTGTTATCAA TGTTACCTAT TGAAGTTGAA CAAATACCGG AAAGTTTAG TTACATGATT	3600
25	AAAGAAGTTG CAGTTAAACG CTACAACAGG ATTGGTGCTG AAGTATGACA TCAGAAGCGG	3660
	TTGACGGACG TAGCAATGCG TATGAATTGA ACGATTCAA GGAGTATGAA GCTATTATTG	3720
	ATAATTACTT TAATGCTAGA ACGAGAACTA AAAAAGGAAG GGCTGTGTTT TTTTGAGATA	3780
30	TGAAGATAGA GTTATTTTTC AATTAGAACA AGTAGCAACT TACAATCCTA AACTAGCAA	3840
	AAAAGAAAAC AACTAATCA CTTATGATGC GATACCATGC AATATTAACC CCATTCTAG	3900
35	AGCAAGAAAG CAACTGAAT TTGGTGATGT AAAAAACGAT GTAAGTGTTT TGAGGATAAA	3960
	AGAATCAATA TCTTACCCTG TTAGCCACGT GTTGGTTAAT GGCAATCGCT ACAAGATAGT	4020
	TGATACAAGG ATATACAGAC ACGAAACGTC ATATTATATC GAAGAGGTCA ATTGATGAAT	4080
40	ATAGATGGAT TAGACGCACT GTTAAACCAA TTTCACGATA TGAAAACCAA CATTGATGAT	4140
	GATGTAGATG ATATTTTACA GGAAAACGCC AAAGAATATG TAGTACGAGC TAAATTGAAA	4200
45	GCTAGAGAAG TAATGAATA	4219

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 213:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	GCTTACAAGT ATATTCATAA TTACATATTC AAGGTCCTTG CATGTGGTAT TTTGCTATGG	60
	yCtTTaACTA CAACGGGGTC TAAGACTGCG TTTATCATAT TAATCGTCTT AGCCATTtAT	120
5	TyCTTTATKa AAAAGTTATT TAGTAGAAAT GCGGTAAGTG TTGTGAGTAT GTCAGTGATT	180
	ATGCTGATAT TACTTTGTTT TACCTTTTAT AATATCAACT ACTATTTATT CCAATTAAGC	240
10	GACCTTGATG CCTTACCGTC ATTAGATCGA ATGGCGTCTA TTTTGAAGA GGGCTTTGCA	300
	TCATTAAATG ATAGTGGGTC TGAGCGAAGT GTTGATGGA TAAATGCCAT TTCAGTAATT	360
	AAATATACAC TAGGTTTTGG TGTCGGATTA GTGGATTATG TACATATTGG CTCGCAAATT	420
15	AATGGTATTT TACTTGTTGC CCATAATACA TATTGTCAGA TCTTTCGGA ATGGGGCATT	480
	TTATTCGGTG CATTATTTAT CATATTTATG CTTTATTTAC TGTTTGAATT ATTTAGATTT	540
	AACATTTCTG GGAAAAATGT AACAGCAATT GTTGTAATGT TGACGATGCT GATTTACTTT	600
20	TTAACAGTAT CATTAAATAA CTCAAGATAT GTCGCTTTTA TTTAGGAAT TATCGTCTTT	660
	ATTGTTCAAT ATGAAAAGAT GGAAAGGGAT CGTAATGAAG AGTGATTCAC TAAAAGAAAA	720
	TATTATTTAT CAAGGGCTAT ACCAATTGAT TAGAACGATG ACACCACTGA TTACAATACC	780
25	CATTATTTCA CGTGCAATTTG GTCCCAGTGG TGTGGGTATT GTTTCATTTT CTTTCAATAT	840
	CGTGCAATAC TTTTGTATGA TTGCAAGTGT TGGCGTTCAG TTATATTTTA ATAGAGTTAT	900
30	CGCGAAGTCC GTTAACGACA AACGGCAATT GTCACAGCAG TTTTGGGATA TCTTTGTCAG	960
	TAAATTATTT TTAGCGTTAA CAGTTTTTGC GATGTATATG GTCGTAATTA CTATATTTAT	1020
	TGATGATTAC TATCTTATTT TCTACTACA AGGAATCTAT ATTATAGGTG CAGCACTCGA	1080
35	TATTTTCATGG TTTTATGCTG GAACTGAAAA GTTTAAAATT CCTAGCCTCA GTAATATTGT	1140
	TGCGTCTGGT ATTGTATTAA GTGTAGTTGT TATTTTTGTC AAAGATCAAT CAGATTTATC	1200
	ATTGfATGTA TTTACTATTG CTATTGTGAC GGTATTAAAC CAATTACCTT TGTTTATCTA	1260
40	TTTAAAACGA TACATTAGCT TTGTTTCGGT TAATTGGATA CACGTCTGGC AATTGTTTCG	1320
	TTCGTCATTt AGCATACTTA TTACCAAATG GACAGCTCAA CTTATATACT AGTATTTCTT	1380
45	GCGTTGTTCT TGGTTTAGTA GGTACATACC AACAAGTTGG TATCTTTTCT AACGCATTTA	1440
	ATATTTTAAC GGTGCAATC ATAATGATTA ATACATTTGA TCTTGTAAATG ATTCCGCGTA	1500
	TTACCAAAT GTCTATCCAG CAATCACATA GTTTAACTAA AACGTTAGCT AATAATATGA	1560
50	ATATTCAATT GATATTAaCA ATACCTATGG TCTTTgGTTT AATTGCaATT ATGCCATCAT	1620
	TTTATTTATG GTTctTTGGT GAGGAATTCC CATCAACTGT CCCATTGATG ACCATTTTAG	1680
55	CGATACTTGT ATTAATCATT CCTTTAAATA tGTTGaTAAG CaGGCAATAT TTAtTAAtAG	1740

TATGTATAT TTTGATATAT TTTTATGGAA TTTACGGTGC TGCTATTGCG CGTTTAATTA 1860
 CAGAGTTTTT CTGCTCATT TGGCGATTTA TTGATATTAC TAAAATCAAT GTGAAGTTGA 1920
 5 ATATTGTAAG TACGATTCAA TGTGTCATTG CTGCTGTTAT GATGTTTATT GTGCTTGGTG 1980
 TGGTCAATCA TTATTGCG 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 214:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7769 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 214:

20 TCATTATTAA GACTATTATA TATAATGAAT TTAACTGGT TTATTAAACG AGAACGTCGG 60
 GAATTAAGTA ACTACAATAA AAATAAGATA TGACAATAAG GAGACTACAC GCGTGATCAT 120
 TGCCATAATT ATATTGATAT TTATTCGTT TTTCTTTTCA GGAAGCGAGA CGGCATTAAAC 180
 25 GGCTGCCAAT AAAACAAAAT TTAAACTGA AGCTGACAAA GGTGATAAAA AAGCAAAAGG 240
 CATTGTAAAG TTACTTGAAA AACCAAGTGA GTTTATTACA ACGATTCTAA TTGGGAATAA 300
 TGTCGCGAAT ATTTTATTAC CAACACTTGT TACAATTATG GCTTTACGTT GGGGGATTAG 360
 30 CGTTGGTATT GCATCAGCTG TTTTAACAGT TGTTATCATT TTGATCTCCG AAGTGATTCC 420
 CAAGTCTGTC GCTGCAACAT TTCCAGATAA AATAACAAGG CTTGTATATC CAATTATTAA 480
 35 TATTTGTGTC ATTGTGTTCC GTCCTATCAC ATTACTTTTA AATAAGTTGA CGGACAGTAT 540
 TAATCGAAGT TTATCTAAGG GCCAACCTCA AGAACATCAA TTTTCAAAAG AAGAATTTAA 600
 AACAAATGTTA GCAATTGCTG GACATGAAGG TGCTTTAAAT GAAATTGAGA CGAGTAGGTT 660
 40 GGAAGGTGTC ATTAATTTTG AAAATTTAAA AGTAAAAGAT GTAGATACAA CACCTAGAAT 720
 TAATGTGACG GCATTTGCTT CAAATGCGAC ATACGAAGAA GTTTATGAAA CGGTTATGAA 780
 TAAGCCATAC ACTAGATATC CAGTGTACGA GGGAGATATT GATAACATTA TTGGGGTGTT 840
 45 TCATTCTAAA TATCTGTTGG CTGAGTAA TAAAAAGAA AATCAAATTA CAACTATTC 900
 AGCTAAGCCA TTATTTGTGA ATGAACACAA TAAAGCTGAA TGGGTATTAC GTAAGATGAC 960
 50 TATTTCTAGA AACATTTAG CAATTGTGTT GGACGAATTT GGTGGTACTG AAGCGATAGT 1020
 GTCACATGAA GACTTAATTG AAGAATTATT AGGTATGGAA ATTGAAGATG AGATGGATAA 1080
 AAAGGAAAAA GAAAACTTT CTCAACAGCA AATTCAATTT CAACAACGGA AAAATCGCAA 1140

EP 0 786 519 A2

	GTATTGAATA TCCAATTATA CAAGCAGGTA TGGCAGGAAG TACGACACCG AAATTAGTTG	1260
	CATCAGTAAG TAACAGTGGT GGGTTAGGCA CAATAGGCGC AGGTTACTTT AATACGCAGC	1320
5	AATTGGAAGA TGAAATAGAT TATGTACGCC AATTAACGTC AAATTCTTTT GCGGTAAATG	1380
	TCTTTGTACC AAGTCAACAA TCATATACCA GTAGTCAAAT TGAAAATATG AATGCATGGT	1440
	TAAAACCTTA TCGACGCGCA TTACATTTAG AAGAGCCGGT TGTAAAAATT ACCGAAGAAC	1500
10	AACAATTTAA GTGTCATATT GATACGATAA TTAAAAAGCA AGTGCCTGTA TGTGTTTTTA	1560
	CTTTTGG AAT TCCAAGCGAA CAGATTATAA GCAGGTTGAA AGCAGCGAAT GTCAAACCTTA	1620
15	TAGGTACAGC AACAAGTGTT GATGAAGCTA TTGCGAATGA AAAAGCGGGT ATGGATGCTA	1680
	TCGTTGCTCA AGGTAGTGAA GCAGGTGGAC ATCGTGGTTC ATTTTAAAA CCTAAAAATC	1740
	AATTACCTAT GGTGGAACA ATATCTTTAG TGCCACAAAT TGTAGATGTC GTTTC AATTC	1800
20	CGGTCATTGC CGCTGGTGG AATTATGGATG GTAGAGGAGT TTTGGCAAGT ATTGTCTTAG	1860
	GTGCAGAAGG GGTACAAATG GGCACCGCAT TTTTAACATC ACAAGACAGT AATGCATCAG	1920
	AACTACTGCG AGATGCAATT ATAAATAGTA AAGAAACAGA TACAGTCATT ACAAAGCGT	1980
25	TTAGTGGA A GCTTGACGC GGTATCAACA ATAGGTTTAT CGAAGAAATG TCCAATACG	2040
	AAGGCGATAT CCCAGATTAT CCAATACAAA ATGAGCTAAC AAGTAGCATA AGAAAAGCCG	2100
30	CAGCAAACAT CGGCGACAAA GAGTTAATAC ATATGTGGAG TGGACAAAGC CCGCGACTAG	2160
	CAACAACGCA TCCCGCCAAC ACCATCATGT CCAATATAAT CAATCAAATT AATCAAATCA	2220
	TGCAATATAA ATAATCGACC GCAATCCACA AAAGCACAAG CACCCCCAAA CATTATTTTA	2280
35	GTGCTTGCCA TTTTGTGGA TTGCGTTTCT ATTTTACCAA TTTAATCAAA CGAAAACATC	2340
	AAGCTGAAGA TCGCCGAAAG ATTTTAATCA AGCAAAAACA TCAAAC TAAA GTTCGCTGAA	2400
	ATGATTATGA TAAAAGTTAT ATGGTATGAT GACATTGGTG ATATATATGA TAAACATCGG	2460
40	ATTAACAGGT TGGGGTGATC ACTATTCATT ATATGAAGAT TTAGAACGCC AAACCGATAA	2520
	ACTTAAACA TATGCTGGAC ATTTTCCGGT TGTGCAATTA GATGCGACAT ACTATGCGAT	2580
45	ACAACCGGAA AGAAATATAT TGAAATGGAT AAAAGAAACG CCTGATACAT TTGAATTTGT	2640
	GGTCAAAATT CATCAAGCAC TcACATTGCA TGCAGACTAC AAAACATTTG CAGATACAAG	2700
	GCAAGAACTA TTTGATCAAT TTAAGAATAT GTTAGAGCCC TTACATACAC AGAAAAAATT	2760
50	AGCAATGGTA TTGGTTCAAT TTCCGCCATG GTTTGACTGC AATGCACAAA ATATCAAATA	2820
	TATTTTGTAT GTAAGACAGC AATTACAAGC ATTTCCAATG TGTGTAGAAT TTAGGCATCA	2880
55	ATCATGGTTT AGTGATGCAT TTAAAGAACA AACATTGGCA TTTTAAACAG AACATCAAAT	2940

	AATCACAAAT GAAATTGCGT TTGTACGTTA TCATGGACGT AATCATTACG GTTGGACTAA	3060
	GAAAGATATG TCAGATCAAG AATGGCGCGA TGTACGCTAT TTATATGATT ATAATGAGCA	3120
5	AGAATTAATA GACTTGGCAC AAAAGGCACA AATATTAGCA CAAAAAGCTA AGAAAGTTTA	3180
	CGTCATATTT AACATAATT CTGGTGGTCA TGCAGCAAAT AATGCCAAAA CATATCAGCG	3240
	ATTATTGAAT ATAGAATATG AAGGGTTAGC ACCACAACAA TTAATAATTAT TTTAAGAGGC	3300
10	GACGACTATG TTATTAACAA TTACATTATT AGTTTAAATC GGAGGTTTGT CAGCGATTAT	3360
	AGGGTCTATC GTAGGCATTG GAGGCGGTAT TATTATCGTT CCAACAATGG TTTACCTCGG	3420
15	TGTTGAACAT GGATTACTAC ATAATATTAC AACACAAGTA GCGATAGGGA CGTCTTCAGT	3480
	CATTCTAATT GTGACAGGAC TTTCTTCATC ACTTGGATAT TAAAAACAA AACAAGTTGA	3540
	TATTAATAAT GGTTCATCT TTTTATTTGG ACTATTACCA GGTTTCATTGC TTGGGTCCTT	3600
20	CATTAGTAGA TATTTAACAT TTGAGTCATT TAATTTATAT TTTGGTATCT TTTTAATTTT	3660
	CGTAGCCATT TTATTAATGG TAAGAAATAA GATTAAACCG TTTAAAATTT TCGATAAACC	3720
	CAAGTATGAA AAGACTTATG TAGACGCTAA AGGTAAAACA TATCATTATA GTGTTCCACC	3780
25	AITGTTTGCT TTTATTACAA CGTTTTTAAT TGGTATATTG ACAGGTTTAT TTGGTATTGG	3840
	AGGTGGCGCA CTAATGACGC CACTAATGCT TATTGTATTT AGATTTCCAC CTCATGTAGC	3900
30	TGTTGGAACA AGTATGATGA TGATTTTCTT TTCAAGTGTC ATGAGTTCTA TAGGGCACAT	3960
	TGCTCAAGGT CACGTAGCTT GGGGTTATGC AATCATTTTA ATTATTTCTA GTTATTTTGG	4020
	TGCGAAAATC GGTGTCAAAG TGAATCAATC AATTAAGTCA GATACGGTAG TAACATTATT	4080
35	GAGAACAGTA ATGTTGTTAA TGGGTATATA TTTAATTATT CGTGCGTTGA TTTAATACAA	4140
	CTTTAAAAGG AGGACGTCAA TTTGAGGCTT ACAATTTATC ATACGAACGA TATTCATAGT	4200
	CATTYACATG AATACGAACG CATTAAAGCA TATATGGCAG AACATCGGCC ACGACTTAAT	4260
40	CATCCTTCTT TATATGTTGA TCTAGGTGAT CATGTAGATT TATCCGCACC TATAACTGAA	4320
	GCAACTTTAG GTAAAAAGAA TGTGGCATT AATAATGAAG CAAAATGTGA TGTTGCAACA	4380
45	ATCGGTAATA ATGAAGGGAT GACCATTTCA TACGAAGCTT TAAATCACCT TTACGACGAA	4440
	GCAAAATTTA TAGTGACATG TAGCAATGTT ATAGATGAAT CAGGTCATTT ACCAAATAAT	4500
	ATCGTTTCTT CTTATATTAA GGACATAGAC GGTGTGAAAA TACTATTTCGT TGCAGCGACA	4560
50	GCACCTTTTA CCCCATTTTA TCGTGCACTA AATTGGATTG TTACCGATCC ACTTGAATCT	4620
	ATAAAAGAAG AAATTGAACT TCAACGAGGT AAATTTGATG TATTAATCGT GCTAAGTCAT	4680
55	TGTGGCATT TCTTCGATGA AACATTATGC CAAGAATTGC CTGAAATTGA TGTCATTTTT	4740

EP 0 786 519 A2

	GCAGCTGGAA AGTATGGTAA TTATCTTGGA GAGGTAAATT TAACTTTTGA GGCACATAAA	4860
	GTAGTACATA AAAGTACAAA GATTATTCCT TTAGAAACAT TACCTGAAGT TGAAACTTCA	4920
5	TTTGAAGAAG AAGGAAAAAC GTTAATGTCC AATTCAGTAA TTCAACATCC AGTAGTGCTT	4980
	AAGCGTAGTA TGAATCACAT AACTGAAGCT GCATACTTAT TAGCTCAAAG TGTTTGTGAG	5040
	TATACACATG CACAATGTGC CATCATCAAT GCTGGCTTAC TCGTTAAAGA TATTGTAAAA	5100
10	GATGAAGTGA CAGAATATGA CATTCAATCA ATGTTACCGC ATCCGATTAA TATGGTAAGG	5160
	GTTAGACTTT TTGGTGTGAA ATTAAAAGAG ATTATAGCTA AAAGTAATAA ACAAGAATAT	5220
	ATGTATGAAC ATGCACAAGG TTTGGGTTTC AGAGGGAATA TATTGGAGG ATATATTCTT	5280
15	TATAATTTAG GGTACATTCA TTCTACAGGG CGTTACTATC TGAATGGAGA AGAAATCGAA	5340
	GACGACAAAG AATATGTACT AGGTACGATA GATATGTATA CGTTCGGTCG TTATTTCCCA	5400
20	ACATTGAAAG AATTACCAA AGAGTATTTA ATGCCAGAGT TTTTAAGAGA TATATTTAAA	5460
	GAAAAATTAT TGGAAATATTA AAAAGTAAGA TTATTGGATT TTCATTTGTC ATGAATTTTCG	5520
	ATATAATGTT TAAAGATACA CTTAACAGGA GGGTATGTGT TGTTATGGCG ACAAAAAACG	5580
25	AGGAAATATT ACGTAAACCG GATTGGTTGA AAATAAAATT AAATACCAAC GAAAACTATA	5640
	CAGGACTTAA GAAGATGATG AGGGAAAAAA ATCTTAATAC TGTATGTGAA GAAGCTAAAT	5700
	GTCCTAATAT ACATGAATGT TGGGGTGCAC GTCGTACAGC GACATTTATG ATTTTAGGTG	5760
30	CCGTATGTAC AAGAGCTTGT CGTTTTTGTG CGGTTAAGAC AGGTTTACCT AATGAACTTG	5820
	ATTTAAATGA GCCTGAACGT GTAGCTGAAT CAGTTGAATT AATGAATTTG AAACACGTTG	5880
35	TTATCACTGC TGTTGCGCGT GATGATTTAA GAGATGCTGG TTCAAATGTT TATGCTGAGA	5940
	CAGTACGTAA AGTTAGAGAA AGAAATCCAT TTACAACGAT TGAAATTTTA CCATCAGATA	6000
	TGGGCGGGGA CTATGATGCG TTAGAAACAT TAATGGCGTC AAGACCTGAC ATTTTAAACC	6060
40	ATAATATTGA AACTGTTTCG CGCTTAACAC CGAGAGTTTCG TGCGCGTGCG ACTTACGACA	6120
	GAACATTAGA GTTTTTACGT CGTTCAAAAG AATTACAACC GGATATCCCA ACTAAATCAA	6180
	GTATTATGGT TGGATTAGGT GAAACTATAG AAGAAATTTA TGAAACGATG GATGATTTAC	6240
45	GTGCGAATGA TGTAGATATT TTAACGATTG GTCAATATTT ACAACCTTCA CGTAAACATT	6300
	TAAAGGTTCA AAAATATTAC ACGCCTTTAG AGTTTGGTAA ATTAAGAAAA GTGGCAATGG	6360
50	ATAAAGGGTT TAAACATTGC CAAGCTGGAC CTTTAGTACG TAGTTCTTAT CATGCGGATG	6420
	AGCAAGTAAA TGAAGCTGCT AAAGAAAAGC AACGCCAAGG TGAGGCACAG TTAAATAGTT	6480
	AATATTTAAC CATTAAATAAG GCATAAAGGC TTAGTTTGTA CAAAACGAAC GTGTCATAGA	6540

55

EP 0 786 519 A2

5 AGGTGAAGAA TTTGATAAAA GTAGATCAAC ATTACTTTGA ATTAATAGAA AATTATCGCG 6660
 AATGTTTTAA TGAAGAACAA TTTATTGCTA GGTATTCAGA TATTTTAGAT AAATATGATT 6720
 10 ACATAGTTGG TGACTATGGT TACGATCAAT TACGATTAAA AGGTTTTTAC AAAGATTCTA 6780
 ATAAAAAGC AGAGATGAGT AAACGTTTTT CAAATATTCA AGATTACATA TTTGAATATT 6840
 GTAACTTTGG TTGTCCTTAC TTTGTATTAA GACATTTGTC TAAACAAGAG GTTAAAAAGT 6900
 15 TAATCGAAGA AGTTCATCCG TCTGATGTGA TAGATGACGA CAATAAACTT CAAGATGTGA 6960
 AGATTAAGCC AACCATTCAA GATACTGAAC ATTAATAAAA CCCTTAGCTA GATTGAAAAT 7020
 20 GGAATCATG CAATTCAAGC ATGGACCTGT AATCTAGTTA GGGGTTTTTA TCTTTAATGA 7080
 ATGACTTCAT TTAAATACTC AGTAATTTCA TCGCCTTCTT CAGCATTTAC ACCTAAAATA 7140
 TGAGCGATAT AGCCTTCTTC TTTTAAATCA TCACTACCGA TAATACCGAA TTTATTTGTT 7200
 25 TGCATATTAA GTACGAGTGT CTTACCATAA TGTCTATTTG TATGGACTAA CATCAAATCA 7260
 TATCGACTAT GCTCGCCAAC AAAACCAACA AACTGAACTT GACTCTCTTC GTTGTCAATCA 7320
 TATAAATACA TATCAATCAT TTTGTAGCGA CTCCTTTTAA AAGTAGTAAA GTTAGTATAA 7380
 30 CGACAAATGA AGTATACTGC AAAATTATGA TAATATATAA GTGAGAGGTG ACAAGGAATG 7440
 TATTTTGTAG ACAAAGATAA ACTAACTCAG AAATTAGCCT ATTTACAAGC ATTAAGTAT 7500
 GATTATCATG AGAGCAAGCA CAATCATTAT GCATTTGAAC GCATTGCTCA AATGTTGATA 7560
 35 GAATCATCGG TAGATATAGG GAATATGATT ATCGATGCAT TTATTTTAAG GGATCCTGGT 7620
 AATTATAAAG ATGTGATTGA TATATTAGAA CTAGAAAATG TTATTACTAA AGAAACACAG 7680
 CAGGCGATTA ATAAAACTGT CGGTATTCGT AAACAATTTA CATATGATTA CACAGCCTTA 7740
 GATGTTGAGA TTATCATGCC AATGTTTGA 7769

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 215:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 215:

50 ACCGCCACCC ATTAATGATT GCTTAAAATC AATAGTCGTA CCATTTAATA CGGGTGCATC 60
 TTTTTGTCT ACTAATACTT TTAATCCAAA GTATTCTAAG ACTTCATCAT TTTCACCAGG 120
 CGCTTCTTCT GCACCCATAC CGTATGTAA ACCAGTGCAC CCGCCACCAT TCACTTTAAT 180

TGCTTCTGTT AATATAACTG TTGGCATGAT AACTCCTCCT TAAAAAATCC AAGTTTCTTT 300
 TATATGTGCA TATATATTTT GTAATAATTC TTCCGGCGAA TCACCTTCAA CAATATCACC 360
 5 ATTTACTAAA GCATACAACC CGGCTGAACA TATACCACAA TGTGTCAGGC AACCATACTC 420
 TAACACATCG ACATCTGGGT CATTTTCCAG TTGATTAAAA ACATAATCTC CACCTTTTGC 480
 10 CATGTTAGAG AGACAAAATT CTACGATCGG ATTCATACTT CACCTTCTTA TTTCATTTGT 540
 TACAATATTA TAGCATTTTA AACTGGTAT TTTAACATGA TGTGCTCAAT TAGCAACAAC 600
 TGATGTTTCT TATCCAGTT ATGTAATAGT GCCTTAGTTA GTAC 644

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 216:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1578 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 216:

25 GAATGATGAA AGGAATAGAA AAGAAAAGAT AAATAATGTA ATAGATTAT CCGAGAAAAT 60
 TGAAAGAACA AAAGATATGC CAATCAAGAA TACTATAACT ACTCAATTAG GAAATAAACT 120
 30 TATTGGCACA AAAAAAGCTC GTTTTGATGA TAAGAAAGTA GTGTCGTTTG GAGCATTTGA 180
 AGATGAATAA AATAAATGAT AGAGATTTAA CAGAATTGAG TAGCTATAGG GTTTATCAAG 240
 ACATCAATAA AGATAATGAC TTTACAGTTA ACGAAAAACG ATTTAAGCAG GCAGATGTAT 300
 35 TTGAAGATTT ATATAGAGAG AACTAAAAG ACACAAATAA ATTAAGAGAG TATAATTATT 360
 TACAAATGA AACTTTTAAA AGCGCATAAA TAGGTGATGA GATATGCTTA AAAAAGCAAA 420
 ATTTATCTTA ATGGCAACGA TACTACTATC AGGATGTTCA ACTACCAATA ACGAATCCAA 480
 40 CAAAGAAACA AAATCTGTAC CAGAAGAAAT GGATGCTTCA AAATATGTAG GACAAGGATT 540
 CCAACCACCT GCAGAAAAAG ATGCGATTGA ATTTGCAAAG AAGCATAAAG ATAAAATTGC 600
 45 TAAGCGAGGC GAACAATTTT TTATGGATAA CTTCGGTCTA AAAGTTAAAG CTACAAATGT 660
 TATAGGTAGT GGCGATGGTG TAGAAGTATT CGTGCAATTGT GATGACCACG AATCGTATT 720
 TAATGCGAGT ATTCCATTTG ATAAATCAAT WATTGASAGT GATAGCTCAT TAAGAAGTAA 780
 50 GGAYAAAGGY GATGATATGA GTACTTTAGT TGGTGCACTA CTCAGTGGGT TTGAATATCG 840
 AGCACAAAAA GAAAAATATG ATAAATTATA TAAATTTTTC AAAGATAATG AAGAGAAATA 900
 TCAATATACA GGATTTACAA AAGAAGCAAT TAATAAGACG CAAAATAGTG GTTATGAAAA 960

ACCATTGTTA AACAAAAGTG ACAGTGAATT TTCAAAGAA TTGTCAAATG TTAAGAAGCA 1080
 5 ATTAAAAGAT AAGTCTAAAG TTTCGGTAAC TACTACTCTA TTTAGTAAAA AAAAGAACTA 1140
 TACTAAAAAA AGTAACAGTG AAAATGTAAT AAAAATGGCA GAAGAAATAA AAAAAGATAA 1200
 AGAGATACCA AACGGTATAG AGCTTAGTAT AAAATTTTCG GACAATAAAA TAAATACGGT 1260
 10 TAAACCAAAT TTTAACGGTG aAAGCACTTC AGAATATGGT GTGTTTGATC AAGAATAAAA 1320
 TTAATGATGa AAATTTAACG GAGAATAGTG TATATTGAGT AGATCmAGAA TAAAAAGATA 1380
 ATTCTACTAT TGTTGTGAAG GCAAATAAGT AGAAGATTTT AAGTGTAATT TCTGGTGATT 1440
 15 TAAATAATAA TATAnATGGn AGTACTGATA TAAnACTTTT TAACCTACTA GATTCTTATA 1500
 ATTTGCTTTC CATTTTATGA CGATTTTAC TCCAATTGAG TGATAGAATC CAAAAAGCC 1560
 ATCTCCAAAA ATTAATCC 1578

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 217:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5137 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 217:

TGTTTTCTT GGGTTAAAAC ATGCTTGCTA TCGGTTTGTA AATATGACTT GCTGTTTTnA 60
 CCTGnATACC CGTCACACCA TGAAGTAAA AATGTTTCTT GCTCTGGCT TACAATTTTA 120
 35 GCTTTAATCG CTTCATATGC TTTATATTGG TCTTCTGTTA ATTGCTGTTT TGATTCTTGT 180
 TCGAAAACAC GATCTTTAAA TGGGTCTCTT TCAACAACCG CGTCATATTT TTCAACATAA 240
 40 CCTTPTTTGA TAAGTCCATC TAACTGGAT TTTGAAAAGC CCATATCCTC AATATCAGTT 300
 AAAAATATTG TTTTATGTTG TTCTTCAGAC AAGTAAGCAT ACAAATCGTA TTGTTTAATA 360
 ACTTCTCCA ACTAGCTAA TACTTCATCA GGATGATACC CTTCAATGAC ACGAACAGCA 420
 45 CGCTTGGTTT TTTAGTTAT ATTTTGTGTG AGAATCGTTT TTTCTTCAAC GATATCATCT 480
 TTTAACAACCT TCATAAGCAA TTGAATATCA TTATTTTTTT GCGCATCTTT ATAATAATAG 540
 TAACCATGCT TATCAAATTT TTGTAATAAA GCTGAAGGTA GCTCTATGTC ATCTTTCATC 600
 50 TTAAATGCTT TTTTATACTT CGCTTTAATA GCACTCGGAA GCATCACTTC TAGCATAGAA 660
 ATACGTTTAA TGACATGAGT TGAACCCATC CACTCACTTA AAGCTATTAA TTCTGATGTT 720
 55 AATTCTGGTT GTATATCTTT CACTTCTATG ATTTTTTTTA ACTTCGAAAC GTCAAGTTGT 780

EP 0 786 519 A2

	ACAATTACAC GCACACCAGG TTGGATGACA GATTCGAGTT GTTCGGGAAT TATATAATCA	900
	AATTTATAGT CAACGCTCTT CGACGCGACA TCGACTATGA CTTTCGCTAT CATTATTGCC	960
5	ACCTAGTTTC TAGTTCATCT AAAATTTGTG CAGCTAATAC TACTTTTTTT CCTTTCCTGA	1020
	TATTTACTTT TTCATTATTT TTAAAATGCA TTGTCAATTC ATTATCATCA GAACTAAATC	1080
10	CGATAGACAT ATCCCCAACA TTATTTGAAA TAATCACATC TGCATTTTTC TTGCGTAATT	1140
	TTTGTGTGTC ATAATTTTCA ATATCTTCAG TCTCTGCTGC AAAGCCTATT AAATACTGTG	1200
	ATGTTTTATG TTCACCTAAA TATTTAAGAA TGTCTTTAGT ACGTTTAAAA GATACTGACA	1260
15	AATCACCATC CTGCTTTTTTC ATCTTATGTT CTAATACATC AACC GG TGTA TAGTCAGATA	1320
	CGGCTGCTGC TTTTACAACA ATATCTTGTT CGTCAAATCG GCTTGCTACT TGTTCAAACA	1380
	TTTCTTCAGC ACTTTGAACA TGAATAACTT CAATATCTTT TGGATCCTCT AGTGTGTAG	1440
20	GACCAGCAAC TAACGTCACG ATAGCTCCTC GATTTTCGAA TGCTTCAGCT ATTGCATAGC	1500
	CCATTTTTCC AGAAGAACGA TTGGATACAA ATCTGACTGG ATCGATAACT TCAATAGTTG	1560
25	GTCCTGCTGT AACCAATGCG CGTTTATCTT GAAATGAAT ATTAGCTAAA CGATTACTAT	1620
	TTTGAAAATG AGCATCAATT ACAGAAACGA TTTGAAGCGG TTCTTCATA CGTCCTTTAG	1680
	CAACATAACC ACATGCTAGA AATCCGCTTC CTGGTTCGAT AAAATGATAC CCATCTTCTT	1740
30	TTAAAATATT AATATTTTGC TGCGTACGTT TATTTTCATA CATATGCACA TTCATAGCAG	1800
	GCGCAATAAA TTTTCGGTGC TCTGTTGCTA GCAACGTTGA TGTCACCAAA TCATCAGCAA	1860
	TACCTACACT CAATTTTGCA ATTGTATTG CCGTTGCAGG TGCAACAATG ATTGCATCTG	1920
35	CCCAATCACC TAATGCAATA TGCTGTATTT CTGAAGGATT TTCTTCTATA AAAGTATCTG	1980
	TATAAACAGC ATTTTCGACTT ATTGCTTGAA ATGCTAATGG TGTCACAAAT TTTTGTGCGT	2040
40	GATTGTTTAA CATAACGCGA ACTTCATACC CAGATTGTGT TAACTTACTT GTCAAATCAA	2100
	TTGCTTTATA TGCCGCAATG CCACCTGTAA CGGCTAATAA TATTTTCTTC ATATTCAATC	2160
	TCCCTTAAAT ATCACTATGA CATTTACGCT TTACATCATC ATATGCGCAC AAATGCTCAT	2220
45	TACTTTTTTA TAGATACAAA TTTAGTATTA TTATAACATC AATCATTGGA TAAACTAAAA	2280
	AAACACACCT ACATAGGTGC GTTTGATTG GATATGCCTT GACGTATTTG ATGTACGTCT	2340
	AGCTTCACAT ATTTTAAATG GTCGAAACTA TTCTTTACCA TAATAATCAC TTGAAATAAC	2400
50	AGGGCGAATT TTACCGTCAG CAATTTCTTC TAACGCTCTA CCAACTGGTT TAAATGAATG	2460
	ATATTCACTT AATAATTCAG TTTCAGGTTG TTCATCAATT TCACGCGCTC TTTTCGCTGC	2520
55	AGTTGTTGCA ATTAAATACT TTGATTTAAT TTGTGACGTT aATTGGTTtA AAgGTGGATT	2580

	TTTA r GTGcT CAGCTTCTAC AATACATTGA ATTc t ATTcy TCGcAAGtTC TACTTCAtCA	2700
	TTAACTACAA cGTAAyCGTA TAAATTcATC ATTTc r ACTT CTkTACGCGC yTCGTTAATA	2760
5	CGACTTTGTA TTTTCTCATC AGATTCTGTT CCTCTACCTA CTAATCGCTC TCTCAAGTGT	2820
	TCTAAACTTG GAGGTGCTAA GAAAATAAAT AGCGCATCTG GAAATTTCTT TCTAACTTGC	2880
10	TTTGACCTT CTACTTCAAT TTCTAAAAAT ACATCATGAC CTtCGTCCAT TGTATCTTTA	2940
	ACATATTGAA CTGGTGTACC ATAATAGTTG CCTACATATT CAGCATATTC TATAAATTGG	3000
	TCATCTTTGA TTAAAGCTTC AAACGCATCC CTAGTTTTAA AAAAGTAATC TACGCCATCA	3060
15	ACTTCACCTT CACGCATTTG ACGTGTGTGTC ATTGAAATAG AATACTTATA TGATGTACTT	3120
	GGATCTTCAA ATATnCGTnT TCTAACAGTA CCTTTACCTA CTCCAGATGG TCCTGATAAA	3180
	ACGATTAACA ATCCTTTTTT ATTATCCATG CCTTACGACC TCTCTAAGCT AATCTTCTAT	3240
20	TATTTAAATA TGATATCACA TTGTTCTTTA TATTGTATAG CATATTTGAA ATTGCATGCC	3300
	ATAATTTCTA TTAAGTCTAA CAATATCGTT ATATTGCACG ATTAATTTTA ATTAAATAAA	3360
25	TTGAATTGCA AACTTTTAGA TAATGTAAAA TGTATGGCAT AATGTATGGT TCAATAACTA	3420
	TACTGAAAAG TTACAATCAT GTTAAATGA AACGAATGAT ATGAAGAAGG TGGAAGATAA	3480
	ATTATGGCTT ATGATGGCTT ATTTACAAAG AAAATGGTTG AGTCTCTACA ATTTTTAACA	3540
30	ACAGGACGTG TTCACAAAAT CAATCAACCT GATAATGACA CGATACTAAT GGTGTGACGT	3600
	CAAAATAGAC AAAACCATCA ATTGTTATTG TCAATCCATC CAAACTTTTC AAGATTACAA	3660
	TTGACTACTA AAAAATATGA TAATCCATTT AATCCACCCA TGTTTGCGCG TGTTTTTAGA	3720
35	AAACACTTAG AAGGTGGTAT TATCGAATCG ATTAAGCAAA TTGGTAATGA TCGTCGCATT	3780
	GAAATCGATA TAAAGAGTAA AGATGAAATT GGCGATACTA TTTACCGCAC TGTCATCCTT	3840
	GAGATTTATGG GTAAACATAG TAACTTAATT TTAGTAGATG AAAATCGCAA AATAATTGAA	3900
40	GGATTTAAAC ACTTAACACC AAATACGAAT CACTATCGTA CAGTAATGCC AGGATTTAAT	3960
	TATGAAGCAC CACCTACTCA GCACAAAATA AATCCGTATG ATATTACAGG TGCAGAGGTG	4020
45	TTGAAATATA TCGATTTTAA CGCAGGTAAT ATTGCTAAAC AATTATTGAA TCAGTTTGAA	4080
	GGATTTAGCC CTTTAATTAC GAATGAAATC GTTAGTCGTC GTCAATTTAT GACTTCATCA	4140
	ACATTACCAG AAGCATTTGA CGAAGTAATG GCAGAAACCA AGTTACCACC TACTCCTATT	4200
50	TTTCATAAAA ATCATGAAAC AGGTAAAGAG GATTTCTATT TTATAAAGTT AAATCAATTT	4260
	AATGATGATA CAGTTACATA CGATTCATTA AATGATTTGC TTGATCGTTT TTATGATGCG	4320
55	CGTGGCGAAC GTGAACGCGT TAAACAACGT GCGAATGATT TAGTTCGATT TGTTCAACAG	4380

ATAAAGATAC TGAACAGTTA TATGGTGAAT TGATCACTGC TAATATATAT CGAATTAAGC 4500
 AAGGCGATAA AGAAGTGACG GCATTGAATT ATTATACGAA TGAAGAAGTT GTCATTCCTT 4560
 5 TAAATCCTAC AAAATCCCCA TCAGCAAATG CTCAATATTA TTATAAACAA TATAAycGTA 4620
 TGAAAACGAG AGAmCGTGAA TTACAACATC AAATTCAATT GACGAAAGAC AATATAGATT 4680
 10 ATTTTTC AAC AATCGAACAA CAATTACATC ATATTTCTGT CCATGACATT GATGAAATTA 4740
 GAGATGAATT AGCAGAACAA GGCTTTATGA AACAGCGTAA AAATCAAAC TAAAGAAAAGA 4800
 AAGCGCAGAT TCAATTACAA CATTATGTAT CAACTGATGG CGACGATATA TATGTTGGTA 4860
 15 AGAATAACAA GCAAAATGAT TATTTAACAA ATAAAAAGC TAAAAAACT CACACATGGT 4920
 tACACACAAA AGATATTCCT GGTTCACATG TCGTTATATT TAATGATGCA CCAAGTGATA 4980
 CGACAATCAA GGAAGCGGCT ATGTTAGCAG GATACTTTTC AAAAGCTGGT AATTCTGGAC 5040
 20 AAATACCTGT TGATTATACA TTAATTAAAA ATGTGCATAA ACCATCaGGT GCAAAGCCTG 5100
 GGTTTGTAAC ATATGACAAT CAAAAAACTT TGTATGC 5137

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 218:

- 25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2267 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 218:

35 GTTTTATCGC AGCAGTAAAG CTATCAATCG GCGGTTCAAT TGATGATGCA TTAGCAGAAA 60
 TCAnACAATC ATTTTAGTTA AAATTTACTA ATAATGAaaa ATGTAAACCT TTTTCAAATG 120
 AAACTTTATa AaaaaATATGA TAGTATATAT GTAAATGTTT AATAAAATCT GGAGAAATAG 180
 40 GAGGACATTG CCATGCAACA CCTTATAAAA AAACATGTAT TGAATGGCGA GTTTGATTTA 240
 GTACGACAAT TGATGTCCGA AACAGATTTT ATGGAATTTG AAGAAGCATA TATTTCAAGT 300
 45 GCGCATGAAG TAGAAAGTAT GATGTTTTAT ACATGTATTT TAGATATGAT TAAGTACGAA 360
 GAATCATCTG AAATGCATGA CTTAGCATT TATTGCTTG TGTATCCACT AAGTGAATAT 420
 GAAGGTGCTT TGGATTCTGC TTATTATCAT GCAGACGCTT CCATAAACT TACTGACGGC 480
 50 AAAGAAGTTA AAAGTTTGTT ACAAATGTTA TTATTGCATG CGATACCAAC ACCTGTTATT 540
 TCAGATAAGA AGGCTTTTGA TATCGCCAAG CAAATTTTAA AATTAGATCC TAATAATAAT 600
 GTTGCTCGTA ACGTCTTAAA AGACACTGCC AAACGTATGc gACAaCGTTG TTGTTGATAT 660
 55

AGTTTTAACA TTTGGTTGGG TTGGGCATAT GTTCCAGCCT TTTTAAATAC TTAAAACTA 780
 ACGAAgTATA CTTGTGTGCA CAAATGGTTT TTATACAACA TTTTATAAAT TTATACATTT 840
 5 TAATAAAGAA CATAACGATAG ATGGTTTTAAA CCTTGTTAAC TGAGAAATTT TGATATGTAT 900
 TCTTCGAAAT TTAACATAAT ATACGAAATT CAAGAAGCAC AATAATTAAT CATTTTTCCT 960
 10 ATACAAAAGT TCGTATGACT GCATTATAAA AGCATAAATT TATAATTTTT TTAAATGTCA 1020
 TTGAACGTGA TAATGTGAAT GGATTGAGCA ATTTTGAAAA AGTGAAAAAT AACCTATGCG 1080
 ACTTGCAATT AATTTTCAGT ACGTTATAAT GCACACTGTG CAAAATTAAG GAGGTCTATT 1140
 15 ATTCACATGA TGATGAaTAA AGAAGCAACA AAAATTGGAT TTGCCTACGT CGGCATTGTA 1200
 GTGGGCGCAG gATTTTCAAC TGGACAAGAA GTTATGCAAT TTTTCACTAA ATATGGCTTG 1260
 TGGGCTTATT TAGGTGTTAT TATATCTGGT TTTATTTTAG CTTTTATTGG GCGCCAAGTA 1320
 20 GCAAAAATTG GTACTGCCTT TGAAGCGACA AATCATGAAT CAACATTACA ATACGTATTC 1380
 GGTGAAAAGT TTAGTAAAGT CTTTGaTTAT ATTTTAATCT TCTTCTTATT TGGTATAGCT 1440
 GTAACCATGC tAGCTGGTGC AGGCGCAACA TTTGAAGAAA GTTATAACAT ACCTACATGG 1500
 25 CTAGGTGCTT TaATTATGaC ATTAGCGATT TATATTACGT TGCKATTAGA CTTTAATAAA 1560
 ATAGTACGTG CACTAGGTAT CGTTACACCA TTTTAAATTG TTTTAGTTGT ATTAATCGCT 1620
 30 GGCgTTTATT tATTTAAAGG TCATGtTTCA TTAGCAGAAG TTAACCAAGT AGTGCctGAA 1680
 GCAAGTATTT GGAAGGGAAT CTGGTTTGGT ACAATATATG GTGGATTAGC TTTTCTGTA 1740
 GGTTTTAGTA CCATCGTAGC AATChGTGGG GATACTGAAA AGCGTACAGT GTCAGGTGCA 1800
 35 GGCGCGATGT ATGGTGGTAT TATCTATACT GTATTACTAG CATTGATCAA CTTTGcATTG 1860
 CAAGTGaATA TCCAActATT AAAAATGCCT CAATTCCTAC ATTGACGTTA GCAAATAATA 1920
 TCCATcCTTT AATAGCAACA GTGkTATCTG TTATTATGCT GGCGGkTATG TATAATACTA 1980
 40 TTCTAGGACT AATGTATTCA TTTGCAGCAC GTTTTACAGA ACCATACAGT AAAAATTATC 2040
 ATATCTTTAT TATTATAATG ATGGTAGCAG GTTATTTATT AAGTTnCGTA GGATTGCTG 2100
 AATTAATTAA TAAGTTATAT ACnATTTATG GGATATGTAG GCTTATTnTA TTGTAGTAGC 2160
 45 TGTAATTATn AAATATTTCC AAACGTAAAA ATGGCGGATA AAAACATAT TGCTTTAATA 2220
 TCATATGGAG GGGATATCCG AAACTTTACA ATTTGAATCA CTTTGGT 2267

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 219:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6336 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 219:

5	GTCAATGTAA CCTAATAGTT TATGTCTATC TTGTGTACCA ACTACTACAT CGACACCAGG	60
	AATTTCCATA ATTTTCAGCTG ATGAAGTTTG CGCATAACAA CCTGTTACAC AGATTACAGC	120
10	ATCAGGATTT TGTCTTATTG CACGTCTAAT TATTTGACGA CTTTTTTTAT CACCCGTATT	180
	CGTTACTGTA CAAGTATTAA TAACAAATAC ATCAGCATTC GCTTCAAAGT CAACGCGCTC	240
	ATAGTTTGCT TCTTTAAATA ATTGCCAGAT TGCTTCAGTT TCATAATGGT TTACTTTACA	300
15	ACCTAATGTG TGaACGCAAC TGTTGACATA AATATTCCACC CCATTAATTC TTTTTCATAA	360
	CTTATTGCAC TTAACGCATA CAATGGCGCA GTTTCTGCCC GTAAAATTCT CGGCCCAAGA	420
	CCAACAAC TG TACTAGTATT ACTAAATAAT GAAATTTTCAT TTTCTGACAA ACCACCCTCA	480
20	GGaCCAAAAA TCATCAACAC TTTATCCTGA GCATTGAATT GTTGTAAGT TTGCTTGAAA	540
	TTGCTTAACT CACCATCTTT TGCTTCCTCT TCATATGCAA TAAGAATATA GTCATAATTA	600
	TCAATAGTAT CACAAATTAA TTTTAAATTC GACTCGAATT GAATAGATGG AATCACTAAA	660
25	CGATAGCTTT GTTCAGCAGC TTCTTTAATT ATTTTTTGCC AACGCTCTAT CTTTTTGGA	720
	ACTTTTGCC CTGTTAATTT AACAAATTGAA CGTTCCATGC TCACAGCTAT AAATGATGAA	780
30	GCACCCAATT CAGTAGCTTT TTGTAGCAAC CACTCATATT TGTCAGCTTT GATTAGTCCA	840
	CTGCAAATCG TAACATCAAC TGGCAATTCT GTATTAATAT TTTGTTTTTC TTTTAAATCA	900
	ACTTCAATTT TATCACTTGT TATGTCAGCA ATTTACATA AATAAACTGT TTGATCATT	960
35	AAAGTTAAAA TAATTTTACT ACCAACATCA TATCTCATT CATTGTAT ATGATGAATA	1020
	TCTTCTTTT TTGTAATAAA AAAACGCTGA CTTACATCAG CGTTTTGGnT CTATGAAATA	1080
	ACGTTGCACA TTATTCATC ACTTTCTGGC CAACAAGACA AACCCAACCG TTGTCATGTT	1140
40	GTCTGAAAT AATTTTAAAA CCTACAGCT CCATATGTGA CTGTATACCT TCATACTTCT	1200
	CTTTTATAAT ACCAGAAGTA ATAAAATAAC CGCCTTCATT TAGAGTATTA TAAGCATCTT	1260
	CAATCATTT ATCAATAATA TGCGCTAAAA TATTTGCTAT TACAATATCA AATTTTCTG	1320
45	TTTCGTCTTT CAATAAGTTA CCTGGAACAG CTTCAATTAA CGTTTCACAA TGATTTCTTC	1380
	TGAAGTTTTC TTTAGCTACA CTCACTGCCA TTTTCATCAAT ATCCAACGCT TTAATACGTT	1440
50	TTACACCGAT TAGATGACTT GCAATACTTA ATATACCTGA GCCAGTACCA ACATCAATTA	1500
	CTGAATGCTG TGGCAATACA TATGTTTCTA TTGCCTTCAA ACACATACTT GTAGTCGGAT	1560
	GATCACCTGT TCCAAAAGCC ATACCTGGGT CGAGCTCAAT GCAAAGCTCT TCATCCGCTT	1620

55

EP 0 786 519 A2

	GGAAATAGTT TTTCCATTCA TTTTCCCAAT CCGTCTCTGC AATAATTTGC TCACTGAATT	1740
	GAACGTTATG TTGATCAAGT TCATCTAAAT TTAATAACTC ATCTTTAATT TGCTGTCGCA	1800
5	ACTTATCATC ATAAGTCATT TCATTAAAAT AGGCTTTCAA TCTTACTCCC TTATCTGGAT	1860
	AATCCTCTTT TTTCAAAGCG TAAATTTTAC CGTATTTATC TTCTGGTTGG TTAATTAAAT	1920
10	CATCTGAATC TTCTATCACG ACACCATTG ATCCATGATT TTCAAGTATA TTGGTAGCCA	1980
	ATTCTACTGC TTCATGATTA ATAATAATTG AAAGCTCTGT CCAGTTCATA CTTTATTCTC	2040
	CCTTAAAGAA TCITTTTGCT CTATCTTTAA AATTCGAAGG TTGTTTATTA ATTTCTTCAC	2100
15	CATTTAATTG GGCAAATTCT TTCATTAGTT CTTTTTGTCT ATCTGTTAAT TTAGTAGGCG	2160
	TTACTACTTT AATATCAACA TATAAATCTC CGTATCCATA GCCATGAACA TTTTTTATAC	2220
	CCTTTCTTT TAAGCGGAAT TGCTTACCTG TTTGTGTACC AGCAGGGATT GTTAACATAA	2280
20	CTTCATTATT TAATGTTGGT ATTTTTATTT CATCGCCTAA AGCTGCTTGT GGGAAGCTAA	2340
	CATTTAATTT GTAATAAATA TCATCACCAT CACGTTTAAA TGTTTCAGAT GGTTTAACTC	2400
25	TAAATACTAC GTATAAATCA CCAGCAGGTC CTCCATTAC GCCTGGAGAG CCTTCACCAG	2460
	CTAATCTAAT TTGTTGTTCA TTGTCGACAC CTTCAGGTAC TTTCACITCT AATTTAACTG	2520
	TTTTATTTTC AGTACCTTTT CCGTGACATG TTGGACAAGC TTCTTCAAAT TCTTGACCAC	2580
30	TTCCATTACA TTAGGACAA ACTTGTTTCAG TACGAACCTT ACCTAAAATT GTGTTTTGTT	2640
	CTACAGCTAC ATGACCAGCG CCATTACAGT AACTACAAGT CTTTTTACTT GTTCCAGGCT	2700
	TTGCACCATC ACCATGACAT GTTTCGCATG TTACATCTTT ACGGATTGAA ATTTCTTTTG	2760
35	TTGTACCAAA TACCGCTTCT TCAAATGTTA ATGTCATTGT ATACTGAAGA TCATCACCTT	2820
	TTTGCGGTGC ATTTGGATCT CTTTGTCTGC CGCCACCGAA GAAAGAGCTA AAGATATCTT	2880
40	CAAAGCCGCC GCCACCGAAG CCACTAAAAC CGCCAAAGTC AGAGCCATTG AATCCTTGTC	2940
	CACCAAAACC TTGTGGACCA TCATGTCCAA ATTGATCATA GcTTGCGCGT TTATTATCAT	3000
	CACTTAAAAC TTCATAGGCT TCAGAAATTT CTTTAAACTT TTCATCTGCA CCTTCTTCTT	3060
45	TGTTAATATC TGGATGATAT TTTTTCGAAA GCTTTCGATA CGCTTTTTTG ATTTTCATCTT	3120
	TTGAAGCATC CTTACTAATG CCTAAAACCT CATAATAATC TCTTTTGGCC ACAGCTATCT	3180
	CTCCTTTTCT TAATTAATC ATATAGTTTA ACGTAATATG TCATACTATC CAAATAAAAA	3240
50	GCCAAAGCCA ATGTTCTATT GACTTTGACT TTTTCAGATCA TGACAACATT CTAATTGTAT	3300
	TGTTTAAATTA TTTTTTGTG TCGTCTTTTA CTTCTTTAAA TTCAGCATCT TCTACAGTAC	3360
55	TATCATTGTT TTGACCAGCA TTAGCACCTT GTGCTTGTG TTGCTGTTGA GCCGCTTGCT	3420

	TATCTTCTAT ATCTTGACCT TCTAAAGCAG TTTTAAGAGC GTCTTTTTTC TCTTCAGCAG	3540
5	ATTTTTTATC TTCTTCACCG ATATTTTCGC CTAAATCAGT TAAAGTTTTT TCAACTTGGA	3600
	ATACTAGACT GTCAGCTTCG TTTCTTAAGT CTACTTCTTC ACGACGTTTT TTATCTGCTT	3660
	CAGCGTTAAC TTCAGCATCT TTTACCATAC GGTGATTTC TTCGTCTGAT AATGAAGAAC	3720
10	TTGATTGAAT TGTAATTCTT TGTTCTTTAT TTGTACCTAA GTCTTTTGCA GTTACATTTA	3780
	CAATACCGTT TTTATCGATA TCAAACGTTA CTTCAATTG AGGTTTACCA CGTTCAGCTG	3840
	GTGGAATATC AGTCAATTGG AATCTACCAA GTGTTTTATT ATCCGCAGCC ATTGGACGTT	3900
15	CACCTTGTA TACGTGTACA TCTACTGATG GTTGATTATC TACTGCTGTT GAATAGATTT	3960
	GAGATTTAGA TGTAGGAATC GTAGTGTTAC GTTCAATTAA CGTATTCATA CGTCCACCTA	4020
	AAATTTCAAT ACCTAAAGAT AGTGGTGTTA CGTCTAATAA TACTACGTCT TTAACGTCAC	4080
20	CTGTGATAAC GCCACCTTGG ATTGCAGCTC CCATTGCCAC TACTTCGTCC GGGTTTACTC	4140
	CTTTGTTAGG CTCTTTACCG ATTTCTTTTT TGACAGCTTC TTGTAAGCTT GGAATACGAG	4200
25	TTGATCCACC AACTAAGATA ACTTCATCGA TATCTGAGTT TGTTAAGCCA GCGTCTTTCA	4260
	TTGCTTGCGC TGTAGGTTCC ATTGTTCTTC TAATTAATGA ATCTGATAAT TCTTCAAATT	4320
	TAGAACGAGT TAAGTTTACT TCTAAGTGTA ATGGACCGTT TTCACCAGCT GAGATAAATG	4380
30	GTAATGAGAT TTGAGTTTGT GATACACCTG ATAAGTCTTT TTTAGCTTTT TCAGCAGCAT	4440
	CTTTCAAACG TTGTAATGCC ATTTTATCTT GAGATAAGTC TACGCCATTT TCTTTTTTGA	4500
	ATTCTGCAAC TAGGTAGTCA ATAATTACTT GGTCAAAATC ATCACCGCCA AGTTTGTTGT	4560
35	CACCGGCTGT TGATAGTACT TCGAATACAC CGTCACCTAA TTCTAGGATA GATACGTCAA	4620
	ATGTACCGCC ACCTAAGTCA AAAACAAGAA CTTTTTCATC TTTATCAGTT TTGTCTAAAC	4680
40	CATATGCTAA TGCTGCAGCT GTTGGTTCAT TAATGATACG CTCAACTTCT AAACCAGCAA	4740
	TTTTACCAGC ATCTTTAGTT GCTTGACGTT CAGCATCGTT AAAGTATGCA GGTACTGTAA	4800
	TTACAGCTTT GTCAACTTTC TCACCTAAaA TAgtTTTCAGC TGTATTTTTT AAGTTTTGTA	4860
45	AAATCATAGC TGAGATTTCT TGTGGTGTGT ATGATTTACC TTCAATATCT ACTTTATAAT	4920
	CAGTACCCAT ATGACGTTTA ATAGATTGAA CAGTGTGTTG GTTTGTAATA GCTTGACGTT	4980
	TTGCTACTTC aCCAACTTGA GTTTCTCCAT TTTTGAAAGC TACAACAGAT GGTGTTGTAC	5040
50	GTGAACcTTC AGGGTTTTGA ATTACTTTTG GCTCATCGCC TTCTAATAcT GTnACACATG	5100
	AATTTGTTGT ACCTAAGTCT ATACCAATAA TTTTACTCAT AATAAAATTC CTCCATTAA	5160
55	TCATTAAATT AATTTAATTT TAAACAATGT CTTTTCGCCA AATTTAAGTT ATTGGTTTAC	5220

AGTGATTTTCG CCAGATTCAA AATCAGGGTT ATCATCTTGA ACTACAGCTT GGTGAATATT 5340
 TGGATCAAAT GCTTCACCTT CAGTTTTAAT AACTTCAAGA CCATTATCTT TTAGTGCGTT 5400
 AATCAAACCTT TCATGCACCA TTTGTACACC TTTTGAAGA GATTAAAAAG TCTCATCATC 5460
 ACCTTCAATT TGAAGTGCAC GTTCTATATT GTCTATTGCT GGTAAAATAT CTGTTAACAC 5520
 ACGTTGTGCT TGATATGTTT TGTATTATTC ATTTTCTTTT TGAATTCTAC GCTTATAATT 5580
 TTCAAACCTCA GCGTAGAGCC TTAAATATTT CTCTTCGTTT TCATCTGCTA ATTGTTGAAG 5640
 TTCATTAATT TTTTGATCTT TTGGATCTAT TTCTTCAATA ACATTCTCGT CAGACGTTTC 5700
 TTCTATTGCT TCATCTTGTA AATGACCTTT ACTTTCTTCA GCTTGTTCOA CTGAATCATC 5760
 AATATTTTGT TTGACGTTTG TTTCTCAAC TGTGATTCA GTGTTTTTTT CAACTGATTC 5820
 GTCTTTATTT GTCATTTTCT GTCCTCCAAT ACTTTCTAAT CCATCATTAC CAAATTCTAT 5880
 TTAATAATTG AATGACATTT TGATAATGCA TAGCTGTAGG TCCAATCACA GCGATTTGAC 5940
 CTTTAAACGT TTCATCAAAA TGATATTGAC TTGTTACAAT TGAAATATCA CTTAAGCTGT 6000
 CATCAATTC ATTACCAATT TTTACATTAA TATTGGTGA AGATATATCT TGTAAATAATT 6060
 CTGCAATTCT ATTTGATTCT ATATATTGTA GAATGGGCTG AATTGAAGAT ACATTACTTT 6120
 CATTCAATGC ATCAATAAGT TTAACCTTTC CACCCATATA AATGCTATTA CTTTGATTAG 6180
 AAATATGATT ATTCATCGTA TTTAACAATT TATTGATAAA AATTTCTTCC TGCTCTGATT 6240
 GAaCAAAAGA GACAATATCA TCTTGTAAT TCTGATTAA CTCAGTTAGT TTGTTTGTA 6300
 CAAAATTGA TATTGIATTT AGTTGTGCAT TATTAA 6336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 220:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 13059 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 220:

TTCATGATTA TTATCTGTTG TAGACACTGC TGGATCTTCC GATGTATCTT TCGATGCATC 60
 TTTCGATTG TGTATTGCT GATTCAAATG GTCTAGGTCT TCTAACGCCT TATTTACCAT 120
 TGCTTCATCA TTTTATCAT CTTTCTCC ATGTTTGTG GTAGCCGTT GTGACATATC 180
 ATTTTCATT GCATTAAGAT CGTCTCGCC ACTTTGTTGA CCCCTATCAA CATTTGAAGA 240
 AACCTCATTT AAATCTTTAA GCAATTGATC TAATTTACTG TCTATATCAC TTTGACCGTT 300

EP 0 786 519 A2

	TTCATCTATT	TGCGATGCTG	TTTTCGCTTC	ATTTAGTTGT	GCTTTATAAT	GTTCTTTAGA	420
5	TGAAGCCGAT	AACTGTTTTA	ATTGCTCAAT	TTGACGAATT	GCCTTGTCAA	CTTTGTCTAA	480
	TAAATCTTGC	TTAGATAATA	TCTCTTTTGT	AATTTTCAGTA	TCCTTTTCAG	ATGCAGCTTG	540
	GGCATCGTAC	GGCAAGATAT	TCGTTAAAT	GATACTTGTC	GCCATCATTG	TCGAACACGA	600
10	TAACTTTACA	TATAATTGAA	ACGGTTTCCC	TCGATATTTA	GCCATCAACA	TACTCCTTCC	660
	TCACCTTACTT	CCTTCAAAGA	ATTACATACT	ATTATATACC	TGTTTACAAG	AAATTTACAC	720
	TTATCTATCT	AGTTATTGTT	GTTAGTAATT	ATCTACTTAT	TACTTAGCTT	ATATTTAAGT	780
15	AAACAAAACA	AGCATGACGT	AATATCATAT	TGTCCATGTC	GCTAACATCA	TATTACGTCA	840
	AATCTTTTAT	ATTAAATGAT	GTTTTATTTT	AGACTGCTTT	TTCTTTTAG	CTTTCGAGCG	900
	CCTGTTTAAA	AACTTGCTCG	AATTGTTTAC	GCGAGATTTC	GTGTGCATGT	GCTTTTGTG	960
20	CTAATAAAGC	ATCTCGAAAC	TGTTGTTGAT	CTTTCAAAC	TTCTAACATT	TGTATTAATT	1020
	GGTCTTTACT	TTCCATTGTT	ATCTCATCAT	TATGCTCAAA	TAAGTGCTCT	GATAATGTTA	1080
25	CTTTAGCATG	GTGTGCGGTT	TGACGATAAC	CTAAAATCAA	CAACTCATAG	TCAAACGCTT	1140
	GTTCCACCGC	ATTTAAAATT	TCATTACCCT	CATTGATATC	AAGATAAATA	TCACATAACT	1200
	GGTATAGTTC	ATTTACCCTG	TCAATATTAA	TAGATGGGTA	TAAATGCACA	TTAGCATATT	1260
30	GATCAAGTTG	CATTAGCTTA	TCAGACATCT	CTGTAATAGC	AGCGATGTGn	AACTTAAAAT	1320
	CTGGTAAAGt	TyCAACCAAT	ACCTTGATGT	TACGAatTGa	TCCgAGTTAG	TTAATATTAC	1380
	AATTTCTTTA	GATATCTAT	TACGACTACG	ATAGTTATAT	AGATATCCGC	CTTGTAATAAT	1440
35	ACGAGATTGA	ACCTTTGCGT	CTGCTATATT	GAGCATCGTT	TCATATTCGT	TTTTATCTGG	1500
	AATAATAATA	TTACAATGTC	GTTTCATATC	ACCTTTACAC	ATCAATTGCA	TATTTCCCGG	1560
40	GACATTACCA	TTACAGTGTT	CTTGCCATAC	CAAAACATCA	CTACCTTTTG	ATGGCAAATT	1620
	ATATAACACT	GAAAATGGTA	GGGCTAGTGA	GTTAATAACG	AAATGATGTT	CCGTAATTTT	1680
	AAGTTGCTTG	ATAAAAAATA	ATGCGAATGC	GAGCTTTGAA	GGGAAAAAGT	AAGACTTCCC	1740
45	TTGCCAATCC	AATATGACAT	CAGATGTTAC	AAAATTTTCA	TAAATCACTT	CTTTACCTTC	1800
	TGCTGTCATA	TATTTCTTCA	AGATCGCTTT	ACGATTTAAA	TCGTAAACAG	TTTGTGCAAA	1860
	TTTAATACCA	TTCTTAGAAT	AATAATCGAC	AAATCGGACA	CGTTGTTGGT	CATCAAACCA	1920
50	TTGACACGA	CTAACAATT	TAGGGCGCTC	TCCACTTTGA	yAAAATATTT	TACCTCGyAG	1980
	ACGTCCCATA	TCATTaATTG	TAGCCGAATT	GTTGTTACCT	TTAATTTCCC	AAAAAGCTGG	2040
55	TACAGTAACC	TGATTAAAAA	ATCGTGGTTT	CATATTTTCT	GTATTATGAT	TATCTGCAAA	2100

EP 0 786 519 A2

	TAAATCTTCT TCCAACCTTAC TGGCTTTAAA AGACTCATAT AACTTTCGTG AATGATCGTT	2220
5	AAAGTAATCA AATAATTTAA TCATGTAGCA CCTCTTGaAC TAATGTTTCC CATTTTAAAA	2280
	TAATATCTTG AGTCATAAAT TGCTGTGCCA CTTCATAAGA GATGTCATGT GGTGTCTGGG	2340
	GACCATTGTT AAAATACATT ACAATGGcAT GAGCTAGTTT TGGGATAACA TCATCCACAC	2400
10	TATCTTCGTC GGTATCAAAA GGTACCAAGT AGCCATTTTC CCCATCTCGA ATAAAGGTTG	2460
	GGTTACCATA ATTCACATTT AATCCAATCA TACCTAGTCC TGAGCCTACC GCTTCCATTA	2520
	GTGTAAACCC AAAACCTTCG CTAGTTGATG CAGAAAGAAA TAACTCATAA TCATTATAAA	2580
15	TTTCATCAAG TTTAACATGC CCTAGTAAAC GAATATAATC TTGTGCGCGG TGTGTATCAA	2640
	TAATTTTACG CAGTCGCGTC TTCTCGCTAC CTTCTCCATA AATATCAAAT GTTAATTCTG	2700
	GCACTTGTGCG TTTAGCCACG ATAACCGCTT TGACAAGCCA ATCAATATGT TTCTCATTG	2760
20	CTAAACGAGA TGCACTAATC ATCGCATATG GCTTTCTTGA TAATGTTGGA TATGATAATG	2820
	CATCAATGCT TCCCACAGGA ATAGTATAAA CACGTGGGCG ATAACCTTGA TATTGCTCAA	2880
25	ATTGTCGACA AACCATATGA TTTTGAATAT CTGTTGCTGT AATAAGAAA TCAATGTATT	2940
	TAGCTTTTGA AAATTGATAT TCATAATAAT TGTTCCATAG TATATGCTGC TCACTCATCA	3000
	TATTATTACT ATAATGATCA GCATGAATCA CAACACCAAC TTTACTATCA CCTTTATGCT	3060
30	GCAAAACAGC CTGACCAATA TCAGAAGCGC GGTCTAATAT GACAATATCG TCTCGGGTTA	3120
	AATTCAATCG TTGTAAAAAG TATGCAATAA ATTCCGTTTT GTTATACAAC ACCGCATCTT	3180
	CAAACACATA TATAGAGCTG TCTCCATCAA TATATTCGTT ATAAGCGATG GAACCATCTT	3240
35	GATTATAAAA TTGTCGCATA TATAATTTG CTTTATTATC AGCTGGTGCA TAATACTCAG	3300
	AAAATATGCG CGTATAACTA TAAAAATCTT TACGTACTAA CATACTATTA ATTACAAATT	3360
	CTGCACGATC CACAATATCT TTTTGTTCAT TTTGCAGATA ACATGTTACA AATGATGATT	3420
40	TCCCATTAAA ATATAGGCGG ACTATCTTAC CATTTCTTTC TCTAAAACTA ATGTCATGAC	3480
	CAAGCTCACG TTCAATGTCA TCTAACGTGT ACGTTGTTGG TGCTAAAGAA ATATCACTAA	3540
45	AATACTGATA CAACCAAATA ACTTCTTGAT CTTTAAACCC AATGTTTTGC GTTAATGTCT	3600
	GTATGTTCTC TGA CTGTATA AAATCTAAAA ACACAAATTT AGTGCTTGA TTTGTACGTC	3660
	TCAATAATTT AGCACGGTAA GCTTGTGCAT ATTCAACACC GCTACTCGCC CAGCCTATAC	3720
50	CAAAGTTTAT ATTATATATT GTCATGCGCT ACCCCTTTTC ATTTATGGAA AATGTATAAC	3780
	TGGCATACCC TCTTTATCAA ATGTAATCAT GCTTTGACAA ATATTTTCA CCATTCTTTT	3840
55	TTTGATATTT CGTGTCAATA CTTCAAATGA ATCTAAGGCA ACTCTATGGT ATTCAAAAAT	3900

	GACTTGTTCT AACCAACATG AATCAATTGC TTTCAAAAAG ACTTTTTGAA CGAAAATATT	4020
5	ATAATAATAT GCACTTTGCA TGTTTTTACG ATTCAAAGCT AATTGCTTTT CAAATTGCTC	4080
	TAATAAAAAT GTCACTACTG CTTGCTTATC TTTAAAATTA ACACAAGCCA CATCTTTATT	4140
	AAATTGGAAA CTTAAATTTT GATAAATATA CTCGACAACA CGCGATTTTG TTAGCACCTT	4200
10	TTCCTCATTT ACAAACATTT CAAATACATC TTTAGCTAAC GCTTTAAAAT CTTGATTCTC	4260
	AGCATCATCT ATTTCTAAAA CTCGATTGCG TTCCTCGTAT ACAAGATCTC GCTGTATACT	4320
	AATGCTTTTT TCAAATTCAT TAGCCATTTC ACGAGCTTTA ACCCCTTGTT CTTCCGAGAT	4380
15	aCGcTGCGCT TTAAC TACAA TTTGCTTAAC TTTGCGATTA AACAAATTAC TTTGCGATAA	4440
	TCGTTGTGCA TCTAATGAAT ATAATTGATT ATTTTCCGCT AAATTACTAT CGCTCCATCG	4500
	CTTAACTAAA TAATCATCTA GTGAAATATA TATACAAGAT GATCCCGGAT CCCCTTGTCT	4560
20	ACCAGAACGA CCACGTAATT GCCTGTCTAC ACGGCTATTT TCCATATGTT CATGAATAAT	4620
	AACAGCTAAT CCACCTAATG CTTGACACCC TTCACCAAGT TTAATATCTG TGCCTCGACC	4680
25	TGCCATACTA GTCGCAACAG TCATGGAACC AATTTGCCCT GCTTCAGCTA TCATCTGCGC	4740
	TTCTTTTGCA ACATTTTGCG CAATGAGTAA ATTATTAGGA ATATCCATTT GGAATAATAC	4800
	TTTCGAAAAG TATTCAGCCG CTTGAGCAGT TCTCGTTATG AGTAAAACCG GTCGCCCCGT	4860
30	TTCATGAAGT TCAACTATAT CATGAATCAT CGCGATGTTT TTCTCATCAA CTGAACGAAA	4920
	CACTTTATCT GGTTCATCGA TACGTTGAAT CGCTTTATCA GTTGGTACTT GTACGACTAT	4980
	TTTTGAATAC AAATCAAAGA ACTCTGATTC GCCTAATTTT CCTGTAGCTG TCATACCTGA	5040
35	AAATGATTCA AAAAGTTTAA ATAAATTCTG GAAGGTAATT GTTGCCATAA CACTTTTATC	5100
	TGTTGAAACC TCCATACCTT CTTTCGCTTC AATAGCTTGG TGAAGTCCAG CTTGCAACTT	5160
	AGTTCCCGGT AACATACGAC CTGTAATACG GTCAATTAAA ACAATATCAC CATTATATAC	5220
40	AAAGTAATCG ACATTAGATT CAAACAAATA TTGTGCGCGC AGTGCTAAAT TAATATTACG	5280
	CACTAGGACC ATCGCTTGTT CGCTATATAA ATCTTCAACA TTAAAGTATG ATTGTGCCGC	5340
45	TTCAATACCT TGATTTAACA GCCATATTTT TTTTTGGTC TTCTTCATTT TAAATGCAC	5400
	GTCTTCAATC AATGTATCTA CAAACTCTTT CACAATATGA AATAGATTTG ATTGTAATCT	5460
	TGGTGACCCC GAAATAACTA ATGGTGTGTT AGCAGCATCT AAAATGATTG AATCCACTTC	5520
50	ATCAATAATA CCGTAATTTA ATTGTGGTAA AAATTTCCCT TCCGCACTAT CAGCCAAATT	5580
	ATCAATTAAA TAATCAAAAC CGAGACGTCC ATTAGTTGTA TATATAATAT CATGTTTATA	5640
55	TATATTACGT TTTTCCCCTT TTTGATACTC ATAATCCACA ATATCAACAA AACCTAATGA	5700

	TAATCATTCTG TTGTAATTAA ATATGTTCTT TTTCCCGAAA GAGCATTTAA ATATAAAGGC	5820
	ATCGTTGCCC TTAATGTTTT ACCTTCGCCT GTTTCATCT CCGCAATGTT ACCTTCATGC	5880
5	AATACAATCG CTCCGATTAA CTGAACTTCT TTAGGATACA TACCTAATAC TCTCCAGCTC	5940
	GCTTCACGTG CCACTGCATA AGCTTCAGGT AACAAATGTAT CTAGTGTATC AACTCCTGAT	6000
10	GCTAAACGTT CTTTAAATTC TATTGTCTTT TGTTTTAACG CATCATCAGA ATATGATTTA	6060
	ACTTCATCGC TCCATGTATT GaTGSgTTcA CTATTTTTCT AATCGACTTT AGTCTTAATT	6120
	CGTTTATCGT AACATCTAGT TTATGTTTCA TTTACTTCCC CACCATTAG TTTGATACA	6180
15	TCTAAGTAAT CTA AAAATCG TACTGGATTC ATTAAACGTG ACATATAATT TAGATGTTTG	6240
	TCTTGCTCTT CTTTAAAATA AACCTCGACA TTTGTATCTT TTAGTTCATG ATTTCTGGG	6300
	ACATGTTCTG TAAGCCATCC TTTTAAATCA TCATCTTCAT GGCTTGTAAG ATACACTTTG	6360
20	CAACCCAAAT GCTGAGCGAC ATAAGTTGCA AAAACATTG ACTTTGACCC ATA ACTAATC	6420
	AAATTAATAG CCTTTAGGGT ATCTTGACTT TGCAAATCAT TCTTTAGTTG CTTAATATTT	6480
	CCCTCGATAT TGTCGTCCAT CCAACGTTCA ACGAGCCAAA CATGACCAAA CAGTTTCAAA	6540
25	AAATCATTCTG AAATAGTTGG ATAGGTGTCA GATGGTCTG CAATAATGAC ATTGATCATA	6600
	TCATTTCCAT ATTGGTCATC GCCTATCTTC GTCACCCGCA TGCTTTTATA CTCTAAATCA	6660
30	TATTGATGCG TCATCTCTGT GATTGTTAAA CATCTAAATA TAAGACTCGT CGATGCTGCA	6720
	TTCATCATTT TTATTTTATA AGCATAGGCK TCATCAGGAT ATTGAATCGT AATACTATTT	6780
	GACTTTACAA TCTCAGTACT TAGTTTTGTG CCATTTTAT TATAAAAAAT GATGATAAAA	6840
35	TACACTGAAC CAGCAGGCGT TGCATCAAAA TCAAATGCA ATTTATAATG CTGTCCTCTA	6900
	CGCAAAATTG GKAAACTTGG CGcACTTTTA TATTTTGAAA ATTGCTTTAA CATCAACCAC	6960
	TCATGAATCG GTAATCCAGA GGGCATCAAA GGATTTATAA AAGTCACTTC ACCATTGAA	7020
40	AATGATACTT TAGAGCCATA CATAAATGTA GTTTGTGAAA TATAATTCCA AGTAACTTTA	7080
	AATGTTTTGT TTTTCAGCAT GTTGAACCTC CCCAACTTG TCTTCAAAA TAATGTTGTA	7140
	AAAATTAACA AACCAACTTG CAATGGTAGG TGAATCATCA TTATGTCGCC CAGGAATACT	7200
45	GCGATTATC ACTCTTGCTT GGTGTGCTGT CAATACAGGT AATAGCTCTT GAAATGCATG	7260
	TGGATCATAA TCATCATGTT GCATATATGC TATGGCAAAA ACAGTTTGTG ACAATGATTy	7320
50	CTTTTGAAAT GTTTGCCAAA ATTTTGTATT TAATGCCTGT ATCGACGCTT GAGATGTATC	7380
	ACCTTCATTA GACACCAGGA CGTCTAATGC TGTACCGAAC TCTTCTGGTC TAAGTAATCG	7440
	CATATGTTCA GCAATCGTTC CAATATTAAC AAGTGGTTTA CCAACAATAA TTGCCTGAGG	7500

55

EP 0 786 519 A2

TAATTCATGT GATTTAAAAAT TCAGCTTTTC TAATGTCTCG TCAATAACAT TGATAATACC 7620
 TTGTTTCATAT TCAGATGAAC CGATATAAAA ACTACCACCT TCAACACGAG GATCGCCGAT 7680
 5 AAGTAAAAAC GGTGCATTCA TACGTTTCAT CATATAATAT CCTTCGAAAC CTTCGCTGT 7740
 TCGATAACCA CTAAATATA CGTTTAGTGG CGGTTTCATA TCACCAGGGT GGAAATAATA 7800
 10 AATAAATTCC TGTGTTGAC TATCTACGAA ACGACTACCA CCAAGTAAAA ATTGACCCAT 7860
 GTCTAATCTA GACCATCGTT TGTGTATAGG TCCTAAATGT ACCGTCCCGT TCCCACGCGC 7920
 CTTAACAGTT ACACTTATAT AAGCATCAAA TGGTTTCGCA GGTATCTCTA AAGGACTGTC 7980
 15 TAACATATCA TCAGTCAATA CGATTGTTC AATTAATGCA CCATCAGCGC CAGTCTGAAT 8040
 CAATCTAAAT GTATATTGCA ACTCGACCGC ACCATCAATA TCAAATTCTG GCCATATTTG 8100
 AATGACTTTA TCTTTATCGT AAACGAGATT ATTTTGCCAA GATGCGATAG GTTTAAATTC 8160
 20 TTTCCCAAAT TCTCCACTCA ATGTGAGCTC TGAATTACCT TGGTAAACGA CATCTCCTTT 8220
 AAAATTCGGA TGCACAAGTG CTAACCTAGG AGAAACCTTA TCTCCATACT GTCCTGAGAA 8280
 GCTAACTGCC TCTAATTTAT TATTACGTTT TCAATATTC CGGTAATGTA ATGGTTGAAC 8340
 25 AACGTATTTT TGGACATTTT CGTCTTGTTT ATATTCAACT GACCAAAATG ATTCATCAAC 8400
 ATACGTATTG TATGGTTGCG TTATCATTTG TAATAAATTC GTTAATGTCT CCGAGTATGG 8460
 TGCTTGAATA TAGATAAAAT CAAAGCGCCC TTCTGCTTCA ACAATCGCTT CAATAGCCTC 8520
 30 TACATAACCA CTATCAAATT CAAACAATCC AATATCGAAG TAATCCCAAC TCACACCTTT 8580
 TTTGTGTTGA AAAATAGGTT CTAAATCGTC TCCTCCAATT TGCAAAACTC TAAATTTACG 8640
 35 TGGCATCATT TTCACCTTCT ATTAACTCAT CGAGCTGATT AATAATATTC TTAGAAGCAT 8700
 ATGCATCTAT TAATTTTAAA GAATAGGCGT ACGCATAATT CCAATTTTTC AAATAAAATA 8760
 AATAATAATT TAACGCATCA TCTAATTCAT CAACTGTATT TATAATACGG CCATTGTCAT 8820
 40 AATCAGAGAC GTAATCTGTT TGTGACCAT TAATTTGTGG AATCCCAGCG CTAATTGCAC 8880
 TAATTGTAA ATACAAGTCA GGTTCCTTTG ACATATCTAT CACAAGTCGC AACGTCCGCA 8940
 ATGCTTCTAC AACATCATGT TCAGCATGTA TCGTCTTAAC AGCAATGATG TCATCTTGAT 9000
 45 CTTCAGGTGT CATTAATGCT GAAACATTAA CATCCGCATT CTGTTTAGCT TGGTATTCCT 9060
 CATTTACCGA CGTAATACAT TCACGAAGCC ACATCGGTAT GTCATTTTGA TGGCGCGATA 9120
 ATAAAATTAA ACGGTAATAA TCTTCCTGTG CGATATAATC CACAAGTCGT TGCATCATTT 9180
 50 GTTGCAAATC AGCGTCACTC ATACCATCTA TCCATACACC TATAAATGTT TCCATCAATT 9240
 GACTACTTAT ATTAGGTGAT TGTCTCGTTT CAAATGGTGT GATTGCAATC ATTGTATTCT 9300

55

EP 0 786 519 A2

	TTAAATGGGC ATTCTTTACG ATAGATTGAT ATTCTCATC TGACACAGTT TCATTTCTAT	9420
	TTTTAAAAA TGAATAACTT AATGATTTCG CTGGAATATG ATTGGCTATT TGTCGATTGT	9480
5	GCCTAGCATC TGAAGCCACA ATCACATGAT CATCTTCATG TATTTGTTGT GCAATCATTG	9540
	CTTGAAATTT TTCTTCAATT AGTTGAGCCA TATTGTTATA TTCTGTTTGT TGATAGTGAT	9600
10	GTTGATATCT TTTTGAAACA GTGACTCTGC CATTTTTTCAA ATCTTCATGA AGTACACAAT	9660
	CTCCATTAAT CGTTAAATAT TCTTGGAAG AAGCCTCTCC CTGATCATCA AAATAACGTA	9720
	TCGCTGATAA ATAACCTCTG TCATCAAAAA TATAACGCCG TTGTAAGTGA TCTCTTTCAA	9780
15	ATTCTTCAA CCAAATTGAA TACCTTCTT GACTAAAATA AATATTTGTA TAGGTCTGTT	9840
	CACTCGTCAC ACATTTTAAT AAATACGGTG TGTACACAAA CTCAACATCA TCCGGCCATT	9900
	TTAAGTGATG ATAATTAATC GCTTGTGGCG CATGGTGAAT GAATCCTTGA ATTTTCATCA	9960
20	ACACAGACGA ATACTTTGTC TCATATAAGT CATATCGATG TAAAAATGTT CTTAAATTTG	10020
	GTGCATGATT GAGAACAATC AGTTGATAAT CTAAGTCATT TTCAAGGTGC ATTCCCATTA	10080
	AACTAATCAT ATCGTCAAAT TCCGTCTTAT TTTGTAGTTG ATAATACGGC ACAGTCGTGT	10140
25	CTTGCCACCA TCGTTGGTCA TCGTACCAAG CTGGAATAAA GTATTTTATA ATTACCTCCT	10200
	TACCAATACT GGTTTAAAAA TGGCTTATAT TTATCAAAAT ATAAATATGT ACGAATTGTT	10260
30	TCTGCAATAT TAATACTGAT GTAACTAAT ACAATCAGTT GTACTGAGAA ATAAATTTCA	10320
	GTAGATAAAT GCGGTACAAA CAATGTGAAA TAAAGCGGTA TACCAATAAT GACTGTAACT	10380
	AATGCCAATC CAAACCAACA TACGCGTCGT GCTTGATAAT TTAAATAACG TTCTGTATCC	10440
35	TTACCAGGTT TAACTCCTGA AAAATAATTG CCACTCTTTA AGAAATCTTT GGATTTTGT	10500
	TTAGTATTGA TAAAAATCT CGATAAAAAA TAACCCAATA ACATTTGAAT CACTAAATAT	10560
	ACTGAAATAC CTACTGGACT ATCAAATGTC AGCATTGGCA TGTCATCTGA TATGCTTTTA	10620
40	TTAAACATAG ATAAATAAA ATGAATGCCA CTTTTTAAGA AAACAAAAGC TGAAATACTC	10680
	ATCATTAAG TAATACTGCC TGCAGGGTTA ACTTTCCAAG ATAAATAAGA TTTCATATTT	10740
	GTTGCGGAAA CGTTCATTAA ATCGATATAT GGTATTCTCA CTTCTACTAA TTCAATAAAT	10800
45	AATAAGATAA ACAATGTGAT TATCACAAGG ATGATTAACA ACGCAATCAC AATATGACTT	10860
	GCATCTATAT ATTCCATTTT TTGATGCATC ATTGATTTAA TAATACTAAC CATTACAATC	10920
50	GGCATTGGTC CTGCGATGCC GTAGCGACTA TTTTGTGAG CTAACCAAAC TAATAACATC	10980
	GTTCCAGTAA CAAAATCAA TATTGTTAAG TAAATATTGT CTTGATGAAC ACGTTCTTTC	11040
	GAAACATATT CATGAATCAC AAAATAACTT TGAATAACAC TTAAATTAAG TGTTAAGATG	11100

55

EP 0 786 519 A2

	GAAATCAGCA TCAAGATAAT CATTGATGTT AACCACGGAC CTAAtCCTAA AGTGAAAATG	11220
	TTTAAAGTAT TAACGTCTCC ACCCATATTA GAAATAGCTA TTTTAAAAAA TGACTCATGT	11280
5	TTTACTTGCA TATCGTTaTA GGAAACGATG GAAATGTTTG TGCCTAATAT ATAAATAaAC	11340
	AAGATAAAAC ATGTGTATAG CATACGTTTA TATATAATTT TATATTCGTA TTGTTGTAAA	11400
	AGTTTTAACA TGTTGCACCT CTTTATATC AAAACATTA AAAAGACTAA GGGTTCATCA	11460
10	CTAATTATTA AAATCCTATA TCGATTTTTT TAGTGATTGG TGCCTCAGTC TTTTAAATTT	11520
	TAGCCAGCTA TAAATTCAAT TTATGCTTGA GAATCATCTT GATCATTTTC ATCTTCTTTT	11580
15	TTCTTCTCT TCATTAAACC TAAACCAACT AATAATGTCA TAACGCCACC TAGTAATCCA	11640
	TTTTGTTTTA TTGAGTCACC TGTATCTGGC AATCTTTTTT CACTTTGTGC TGGTGTGCCA	11700
	TTATGTTTAG TCACTTCAGA TGTTGCACTT AATGTAGACT GAGATTCACT CGTGCTCGTT	11760
20	GTTGCTTCAC TTGATAAGCG AGATGTGCTC GTGCTGTGAG TATGATGCAT ACTCATTGAG	11820
	TCTGACGGAT GCATTGAGTT AGATTCAGAT GTACTTGTTG AGCCGGACAT ACTTGTTGAT	11880
	GTTGAGTCAG AAATGCTTTG TGAACCAGAC ATAGATGTAC TCAGTGATTG GGATGTGCTT	11940
25	GTCGAATCGG ATGTGCTCAA TGACGTTGAT GTGCTTGTTG AACTGATTG TGAGTCACTA	12000
	ATTGATGTTG AGTCGGATTT GTCTTGAGAC ATTGAAACAC TCGATGAATT AGATTCACTC	12060
	ATTGATGTTG AGTCAGATAC GCTCGTTGAA CCTGAACCAG ACGTACTTAA TGATTGAGAT	12120
30	ATGCTTGTTG AAGTTGAACC ACTTGTTGAG TCCGATGTAC TTGTGATGT CGAGTCTGAA	12180
	TCTGATGTAC TCAATGATTG TGAGTCACTG ATAGAAGTTG AATCACTTGT AGATTCTGAT	12240
35	TCTACTGTAC TTTGTGAACC ACTGATACTT ATTGAAGTAG AATCACTGAT ACTGTCTGAT	12300
	GTTGATAATG ATGTCGACAC CGATGTGCTT TGTGATGACG ATGTACTAGC ACTCATTGAC	12360
	ATTGATGTTG ATATCGATGT ACTTAAGGAA CCAGATGCAC TTGTACTTGT TGACTGGCTT	12420
40	TGTGACATTG AATCACTTAA TGATGTAGAT GTGCTTGTTG AGCTCGAGTC ACTTACACTT	12480
	GTTGAACCTG ATATTGAGTC ACTTAACTT GTCGATGTTG AAAGTGAatWC GcTTCCGCTC	12540
	ATTGAGTCAG ATGTTGAAAG TGATGTACTC GTTGAATTTG ATCCACTGAT GCTAGACGAA	12600
45	TCACTTGTAG ACATTGAGTC GCTTCTGAT GCACTGATGC TCATAGAGTC AAATTGACTA	12660
	TTACTTGTTG AGCTTGACTG CGAATCGCTC AACTTGTTG ACGTTGATTG TGATCCACTC	12720
	ATACTTTGCG AGCTACTCAA TGATTTTGAA TCACTTAATG AATCCGAAGT GCTAAGACTT	12780
50	GTGGAACCAC TTAAAGATAT TGATCCACTT AATGAGTCGG AGTCACTTGT ACTAGTAGAA	12840
	TCACTCATTG ATATTGAATC ACTTAGcGAG GTAGACTyGc tTACGCTTTC TGAACCACTT	12900
55		

TTTGAATCAC TTAATGAATC AGATTCACTC ACGCTTTCTG AACTTCTTAG TGACGTCGAT 13020
 ACACTTAATG ATGACGAATC GCTTGTGCTT ACTGAATCG 13059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 221:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10758 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 221:

AGGGATGGCC TTACCTAAAA AACCGGGnAA ACCCTCCAAA ACCCATTAAG AGGnTGGnTA 60
 CCGTTTAAAA TGGTAGCATT TAACCGCCAC CCGCCAAGGT GGGTGGTTTA TTCTTCCGTT 120
 ATTTAAATTA GTACACCATG CAGATTCTGT AGTTGAGGGA TATTTTAACG AAAGCTTATT 180
 AGCAACTGAT AAAAAAATAC GTCCTAAGGC ATATATTGCT TCATGGAAGG ACATCGAGCC 240
 GGCTAAGAAA ATAGAATTTA AAATTAAAAA AGGTATTAAA TGGCATGATG GTAATGAATT 300
 GAAAATTGAT GATTGGATTT ATTCAATTGA AGTCTTAGCT AACAAGGACT ACGAAGGTGC 360
 TTATTATCCA AGTGTAGAAA ATATCCAAGG TGCAGAAAGAT TATCATGAAG GAAAAACTGA 420
 TCATATTAGC GGATTGAAGA AAATAGATGA CTACACTATG CAGGTTACAT TTGATAAAAA 480
 ACAAGAAAAT TACTTAACAG GATTTATTAC TGGACCTTTA TTAAGTAAAA AATATTTATC 540
 AGATGTACCA ATTAAGATT TAGCGAAATC AGATAAAATC CGAAAATATC CTATTGGTAT 600
 TGGACCGTAT AAAGTTAAGA AAATCGTTCC AGGTGAGGCT GTTCAACTCG TTAAATTTGA 660
 TGATTATTGG CAAGGTAAGC CTGCACTAGA CAAAATCAAT TTAAAAGTTA TTGATCAAGC 720
 GCAAATTATT AAGGCAATGG AAAAAGGCGA TATTGATGTT GCGAATGATG CTACCGGTGC 780
 AATGGCAAAA GATGCTAAGT CATCTAATGC TGGTCTCAAG GTATTATCTG CGCCAAGCTT 840
 AGACTACGGT TTAATAGGtT CGTATCTCAT GATTACGATA AAAAAGCTAA TAAACTGGT 900
 AAAGTGAGAC CAAAATATGA AGACAAAGAA TTACGTAAAG CAATGCTTTA TGCAATTGAT 960
 AGAGAAaAAT GGATCAAAGC GTTTTTCaAT GGTTACGCTA GTGAAATCaA TAGTTTTGTA 1020
 CCATCTATGC ATTGGATAGC AGCCAATCCT AAGGACCTAA ATGATTACAA ATATGATCCT 1080
 GAAAAAGCTA AAAAAATCTT AGATAAGTTA GGTATAAAG ATAGAGATGG TGACGGATTT 1140
 AGAGAAGATC CTAAAGGTAA TAAATTTGAG ATTAACTTTA AACATAATTC AGGTTCTAAT 1200
 CCTACTTTTG AACCAAGAAC TGCTGCGATA AAAGATTTCT GGGAAAAAGT TGGCTTGAAA 1260

EP 0 786 519 A2

	AATACGATTC CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC	1380
	GACAGACCTT TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACTTTGCA	1440
5	GAAACAGAGC GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT	1500
	GTTTATCAAT TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT	1560
	CTTCGCGTCT TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT	1620
10	ACTAAAGATT CGAAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT	1680
	ACGTACATTG AGTCATTATT AAAAGAACAC AAATTGTTAT AACGAAAACC ATTAATAGAT	1740
15	TTTTATTGG TGATTCAAA TCATGAGACT GGGACAGAAA TGATGTTTTT ATAAAAATTA	1800
	TTTCGTTGTT CCACTCTCAT GATTTTTTTG ATGAAACATA ATTACATGAT TGATTGCATC	1860
	ATTTTGTAA ACAAGTGATT GCAAACCTGC CATTTACAC TGAAAATTTA CATAATAAGT	1920
20	GACGATATTT TACAAGTCAT ATACAAATAA CATATATTGT TAAATAATTT TACCTAATCT	1980
	TAACATTAAA TTTACAATTA TAAGCGATAA TCTAAATATA AAGCTTATTT GAGGTGAAAT	2040
	AATGGAAATG TCGGTTACAG AAGTCATTTT CTCCTTTTTA GGTGGTTTAG GTATTTTCCT	2100
25	TTACGGCTTA AAAATCATGG GAGACGGGCT TCAAGCATCA GCAGGAGACA GGCTACGAGA	2160
	TATTTTAAAC AAATTTACAT CAAATCCAGT ATTAGGTGTT ATTGCAGGTA TCGTTGTAAC	2220
	TATTTTAATA CAAAGTAGTT CAGGTACGAC AGTTATCACA ATCGGACTGG TAACAGCTGG	2280
30	ATTTATGACA TTGAAACAAG CCATTGGAGT GATAATGGGT GCTAATATCG GAACAACGGT	2340
	AACTGCATTT ATTATCGGTA TAGATTTAGG CGAATATGCA ATGCCAATTT TAGCATTAGG	2400
35	TGCATTCTTA ATCTTTTTCT TTAAACGCTC TAAATCAAT AACATTGGCC GCATACTATT	2460
	CGGTTTCGGT TCACTATTCT TCGGTCTAGA ATTTATGGGT GATGCCGTTA AACCTTTAGC	2520
	ATCATTAGAT GGATTTAAGC AATTAATGCT TGATATGTCT ACAAATCCAA TACTCGCTGT	2580
40	CATTGTCGGC GCAGGGTTAA CAGCACTAGT TCAAAGTTCA AGTGCGACGA TTGGTATTTT	2640
	ACAAGAATTT TATCAACAAG ATTTAATTAG CTTAAACGCA GCAATCCCTG TGTTACTAGG	2700
	CGATAACATT GGTACCACGA TTACAGCTAT CTTAGCTAGT TTAGCCGGCT CAATCGCTGC	2760
45	AAAACGTGCG GCGCTTGAC ACGTCATCTT TAACTTAATC GGGGTAATTA TCTTCACAAT	2820
	TTTCTTGCCA GTTGTGATTG ATTTGATTAG TTTGTTACAA GATTTATGGC ACTTAAACC	2880
	AGCGATGACG ATTGCAGTAT CACATGGTAT CTTCAACATA ACAAATACTT TGATTCAATT	2940
50	ACCATTTGTA GCAGGTTTAG CATGGATTGT TACAAAGCTT GTCCCAGGTA AAGATATTGC	3000
	TGATGACTAT AAACCTCAGC ACTTAAACAA AGATCTTGTT TATCACGCAC CTGGTGTGTC	3060

55

EP 0 786 519 A2

AGACATTTCGC GAAATTACAA AAGACGATAA AAAATTGATC AAAAAGCTTG AACAAAAGCA 3180
 TCAAGCTGTT GAAACAATCA ATGATAGCAT TCGAAATTAT TTAGTTAGAA TTTCTACAAA 3240
 5 AGCCATTACG AAGGCAGACG TTGAGCGTTT AGCAGTTATG TTTGATGTCA ATCGCTCTAT 3300
 TTTAAAAGTA GCAGAGCTAA CAGAAGAGTA TGTCGCTCAA TTAAAACGCC AACATGATGA 3360
 AGATATTTCGC ATTACAGAAG ATGCACAACG CGGTATGGAT AAATTATTCA ACCATGTTGC 3420
 10 TGAGTCATTT GATAAAGCCA TCGACATGTT AGATGTTTAT GACAAAACGA AAAAAGATGA 3480
 AATTGTAGAA CGTAGTAGAG AATCATTTAA TATTGAACAT AACTACGCA AAGGTCATAT 3540
 15 TAAACGCCCTT AATCGTGGTG AATGTACAAC AAAAGGCGGA TTACTATATA TCGATATGAT 3600
 TGGTGTTCTT GAACGTATCG GTTATCATT CACGAAATGTT TCTGAAGCAC TTGTTGGCCT 3660
 TAACGATGAT GTACCTACAG ATGAAGAAAT TGCAACAAC TAAATTTAAT TTTTACTGTC 3720
 20 TTATTTATAT TCATATTTT TTAATAATAG AGATTCAGAT GCATGTAAAA AGCCAATCCA 3780
 ACATTCATGG GTTGGCTTTT TTGTTTAGCA AAATTTATTA TCTTAAATCG GCTATAAACA 3840
 CTGATATAAT AATGCTTCAT TAGTAGCGG TAAGCATGAC GGACACTGTT CTCGGAGTCT 3900
 25 GACCCCGAAA CGTTTAATAT AACTTTTAC ACGTCGCCTT CATGAAGCG AATTGCCATA 3960
 ACCTTCACAT TATATATAGT TCTTTCCATA TAAATGTCCA AATTTTLAGA ACAACGCAAT 4020
 AAATAACCAT CCACCTAAT TATCAAAAAT TTAAGTGGAT GGTTTTTCAT TTTTATTTAT 4080
 30 ATTTATATTA GTGTTAATCC AATCATAGAT TTATCTATAT GCACTGCTCT ATACATTTCC 4140
 TCATTTAATT TGCTTTACTT TCATTTATAT CATTATCAA ACACCTGGCG TGTATCGTT 4200
 35 ATTATTTTCGC ATCTTTGACA CGTTTATCAT CATTAGGAAT CGCGAATAAA ATTGCGATAA 4260
 ATGCCATGAT TCCCATTAAT ACGTTAACCC AAAGTGCAAT CATCGCACCT GTATGAATGC 4320
 TCGTTGCAGC AACTGCACCA GCATATACAG CACCACTAAT TGCGACACCG AATGCGCCAC 4380
 40 CAAGTGATGA AGCCATTTTA TAAATACCTG AAGCAACGCC AACTTTATCT AACGGTGCAT 4440
 TCGAAATAGC TGTATCTGTA GAAGGTGTTG CATAAATACC TAAGCCTAGT CCGAAACATA 4500
 AATATCCTAC GACACAACCTG ATAACATAAA ATATGCCTGG TAAGAATACT AATGAAATAA 4560
 45 GTGCAATACC AATGACCACA ATGAATGTAC CTAATAACAT TGGTCGCTTA GAACCCATTT 4620
 TTTGTAATAA TTTTTCACCA ACTCGAATCA TCAATAACAC CATGATTAAA TAAGTAATTG 4680
 ATAAGTATCC TGCCTGCAAT GCTGTATAAC CTAAACCTTG TTGCACGAAT GTATTCGCTA 4740
 50 CAATTAATGT ACCTGCAAAA CCGTTTAATA AGAAGTTCGA AATCGTTGCA CCTGTATATG 4800
 GTTTATTTTC AAATAATTTA AAATCAATAA GTGGATTATC TACTTTTTTC TCAACATTTA 4860

55

EP 0 786 519 A2

AACCAAGTGC TGCACCTTTA GTAATGACAA CGTTTAAACT TAGCAACATA ACTACTAGAA 4980
 CAATTAGCCC TGCAACGTCA AATTTATGTG TATTGGTAAT TTCTGATTTT GTTTCAGGCG 5040
 5 TCCCTTTGAT GAGTAACATT GAAAGTACGG CAACGATAAT TGAGAAGATG AAAATCCATC 5100
 TCCAACCCAT AGTTGTCGCA ACTGCACCAC CGAAGAGTGA ACAGATACCA CTGCCACCCC 5160
 AAGAACCGAT AGACCAATAA CTTAAGGCAC GCTGACGTTT AGCACCCCTGA TAATAAGTTT 5220
 10 TCATAATGGC CAATGTAGAA GGCATAATAC ACGCTGCTGA TACACCTTGT ATAACACGAC 5280
 CTAATAATTAA TAATGCCGGT AAATTCGTAA TAATAATTAA TGCTGAACCA ATAATACTTA 5340
 ATAATAAACC GATATTCGTC ATTTTCACGC GCCCAATTTT ATCTGCCAGA CCACCTGCTC 5400
 15 CAACAACAAA CATGCCTGAA AATAGTGCAG TTAGACTGAC CGCAATACTA ATTGTCCCCA 5460
 TGTCTGTACC AAAACTTTGT TGTAATTCG GTACAACATT TACAAGTGAT TGTGCAAACA 5520
 20 ACCAAAATGT AATAACACCT AATACAATAC CTAAGATTAA CTTGTTGCCC CCGCGATACG 5580
 TTTTATTTCAT GTTAGTTATC TCCTTTAAGG TAATCTAAAA CAACTGTCCC TACTGCTTCT 5640
 GCAGAAATAA GTAATGATTT TTCTGAAATG TTAAATTTAG GATGATGATG TGGGTAAATT 5700
 25 TCACCATTTT CCACCGCTGC ACCTGTATAA ATAAAGGCAC TTGGGCGTTC TTTAGCATAA 5760
 TATGCAAAGT CTTCTGAAGG TGGTTGTGGT TCACACATTT CAACACCAAA ATCAAGGTTT 5820
 GCTTCTTTCA ACGTCTTAGC CACGTACTCA GTAAACTCTG GATCATTATA TAATGCTGGA 5880
 30 TAATCATCGT TATATTCTAA GGTGCAAGT ACACCATACA TATCCTCTAA TCCTTTTGAT 5940
 AAACGTTTAA TTTCTTTTTC AATGTTGCT TTTGTAGCAT CTGTTAATCC ACGTACATCA 6000
 CCTTCAATTT CAACAACATC TTTAATGACA TTGAATTGAC CTTTACCGTC AAATGAACCG 6060
 35 ATTGTGACAA CACCGGTTTC AAATGGACTT AGTCGTCTAG ATACAACCTGT TTGTAACGCT 6120
 GTGACGAAGT AGCTACCTGC AACAAATGGCA TCATTGGCCA TATGTGGTGA TGAACCATGA 6180
 40 CCACCTTTAC CTTGAACTTT CAATTTGAAG AATGCGCGTC CTGTTTGAAC ATAACCAGGT 6240
 CTGTAATACA CTTTACCTGT TTTCAATTGT CTCATGACGT GTACACCTAA TACATGATCA 6300
 ACACCGTCTA ATACACCATT TTCAATCATT GTTTTAGCAC CACCTGGTGG TACTTCTTCA 6360
 45 GCTGGTTGAT GTATCACAAC GACTTTTCCT GTAAACTAT CTTTCATTTT AGCAAGCGTC 6420
 TCTGCTAATA CAAGCATGTA TGCTGTATGT GCATCGTGAC CACATGCGTG CATAACACCT 6480
 TTATTTTGTG ATGCAAAGA TAATCCTGTA TCTTCAGTAA TGGGTAATGC GTCAAAGTCT 6540
 50 GCACGGATTG CTAATGTTTT ACCAGGTTTC CCTGAATCAA TCGTTACTTT AATTCCACGT 6600
 GGTCCGACAT TCGTTTCTAC TTCCACATCT TTACCTTTGT AAAATTCAGC GATGTATTTT 6660

55

	ATCATTTTGC CTTCTTTAGA TTTTAAAGTT TCAATTAATT GTTGATTCAT ATCCTTCATC	6780
	TCCTTAGTTA CATCATAAAT GATTAATCAT TATTTATATT GCCAACAACA GAGATGTAA	6840
5	CCATTAATTT TTTGCAATTT TAGCTTTGAA TATAAAAAAT CACAAATTAT GTATATCAAA	6900
	ATTTGTGATT TGTGATCATT TTATGAACTT GGGTAACGTT TTAATTCAAT TAAGTGAATC	6960
10	CCATTTCGTAA TCATTTTAAT GTTTAATGCC AGTGTGTCCG TGATATCTAT ATCATATACT	7020
	TCTAATTTCC GAAAACTCAT TCGATTAAAG TAATCTATAG AGTCCTTGTC CATGCCATGT	7080
	ATCGTATGAT GTTTGCGCCA AAGATTAAAT AACGCACCAT TTTCTTTATC TAAGGTAAAA	7140
15	TGTTTAATCT TATACATACC TTCTTCCAGG GCATTAATGT TCAAATGAAT CATTTCCGTC	7200
	GCACGCATAT TCATTTGATT GTCCAACGCT AAGTACGGAT TAAAATGCTT TGCATCATAT	7260
	AACAATATTT GAAAATTTGA ATCAGTCCCC GTGACAATAC ATGTATCATC AGAATACAAA	7320
20	ATATTGCTTG TTAATTTATT AAATAGCAAT GCCGTGAAAT AGACCGGACG TTTTCCATTA	7380
	TATTGATGAA ATAGTTCAAT AGAATTCATA TAATCCCGTT CATTTTACA ATGACTGACG	7440
	TGCAAATCAT AATTCAACCA ATACCCGATA CCCTCTACTT TAGAACTTAA TTTTAATAAT	7500
25	TGCTCAATGA TGATACCACC TCTAAAATAT TCGCCGTTTG TAATAAATGT ATCACCCGTC	7560
	AATGTATTCC AATTGAGTAA AATGAGTGGA CGCTTTAGGC GATGACGATG CATTAAGTCG	7620
30	ATAAGGTAAT TCGTTTTATT AATAATCATT TGACTCGCGG TTTTAAATTC ATCATCATTC	7680
	ATTTTATTAA AATCAACAGC GTCATTTGAA TTGGCATCAA ATACAAAATG GTCGATGTGT	7740
	GGCTCAAGTC GTTTCAATAA TGGTAGATGT CTTTCCGTAG CTTGATCTAA GTGAATGTAC	7800
35	AAGCCACCAT TAGGGAATAA TGCTTTAAAA TAATCAATCA TTTCAATCAA AGACGTGTGC	7860
	AATGTCGTCA CATAACAAGT GAACCTCAAA TCTTTTCTAT GACTGACATG CAGGGCAACG	7920
	TGATGGATAA AAATTTTAAA TGCATCGATA TAATCACGTG AGTCATACTG ATCCAAATGC	7980
40	ATGGTCAAAC TAAAGTTATG ATCTAATAAA AAGTCTAAAC ACAAATCAAT ATCATAAAAT	8040
	ATATTCGAAA TTTCTGCATC ATACGTGAAT GGCGCATTGA GCTTTTTCAT GATATATGGA	8100
	ATCACATCAT ATGCTAATAC TTCATTGACT TGAAAATCAT GATGACATGT AAGCAACTGT	8160
45	GATTGATACT GTGTATTGAG CAAATTCCTC AAATAGCCCA CTTGAATAAT ATGATTAAAT	8220
	TGATTTAGTT GGTGATTGGT TGGTTGAAAG GCAATCTCTT TATAGTTCAT CTTTTCAATA	8280
50	TCTTCAATAA AATGATTCAT TTCTTCAATG TAGTCATTTA AAAGTAATAT CAATTCACGG	8340
	TCGTGATAAT CATGTTGTGC CGATTGCTGG TTTTCAGTGA TTGCTGGACG ATCACCTCGA	8400
	TATTGTTTAG GTGTTTGATG CGTAAAGTGT TTAAATGTTT TCGCAAAGCT CGCTGCACTT	8460

55

	TTGCGATGCT CAATTCGCGT CGTATTTAAG AAATGATGGA ATCCTACACC TAGCGATTCT	8580
	GTAAACTTTT TAGACAGATG GCTCTCTGAC CACCCAACGT ATTCGCTTAA TTCTGAAAGG	8640
5	CTTAAATCTT CATGAAAATG TAACTCGATA TAGTCGCATA CTTGATTAC TTTATCATCA	8700
	TTTAAGATAC TTTGGTTCGA ATGATATGTA CGCGGGACAT AATGAATCAT ATGCATAAGC	8760
10	AACTGAATCA CAAGTTGTTG CTCAGTCAAT TTAGACAACT CATTATGTCG GATATGTGTT	8820
	GAAACCAGTC TTGCCATTAT ATTTCTCAGT TGATGTATAT TCTTTGTTGT GGTGCGCATCT	8880
	GTTAAGTGAA AATATAGACA ATGCACATCA TCAAACCTGT CTGCTAAATA TTTCATTTGG	8940
15	AATTGGATAT AACATATGAT GCCATCTTGT TGAAGTTGAA ATCGATACAA GTCGCGGTGG	9000
	TTAATGATGA AAATGTCGCC ACTGTTGCAT TGCCTCATAT TATTTTCATC ATAAATGTGT	9060
	GCCTCnCTT TAATAACAAA ACCAATCATT AAACCTATTGA GCCTTTTGAA ATCTGACATA	9120
20	CTCTCAGTTT CTACTCGAAT TAAATAATCA CGTTGCATAC TATCCCTCAA TTCAGTAATA	9180
	TGAATACGTT TATTTTACAT TATTTTACAG CAACATATTT GAATTTTATA TTGAATCGTG	9240
	TGTGTGGATG ATTATTTATC CTCACTCGGT TCAAGATGTA GACTATCAGT AAAAAAAGTA	9300
25	TTTTCACCTT TTTTCTCCAC AAAAGTAAAT TCAATGTCTT TATATCCAAC TGtTGaACCT	9360
	TTTAAGTCTC CCgAACCTTT CaACaATAAC TTTGGTGCTT TATTCGTTGG TATTTTATAT	9420
30	CTTTTTCGTA ATTGTTTTAC ATTATAGTCA TCATTAGTTA ATTGATATTT TGCTGAATAA	9480
	CTCGGTACCT CTGGATTATA TGATATATCG CCGTCTTGT ACTTCGACAA ATCTTTAAAG	9540
	CTGCCATATT GCGCGAAGAA CTTAAAATTC TCGATTTCTT TTTTATATT TTCGTCTTTG	9600
35	ATACCTTTAG TTGGAATGAT TTTATTGTCT ACCATTTTAA CGGGATATTC TTTATCTTTA	9660
	CTCTTAGGTC TACCATCTTC ATCATGAAGT GTTCACTCA CTATATACTT CCCGGTTGTA	9720
	GTCTTAGTGT TTCTATTCAT ATATAGAACC ATACCTTTTG ATTCATACG TCCCCCTTTA	9780
40	GGTTGAACAA CCATTTCAGA ACCAATAATC CATGTACCTT TATCATTTTT ATCAAATTCG	9840
	TCATCACGAT AACCTTCTTT ATCGTATAAA TCCTCTAGAT TTTTAATCGG ATACATACTC	9900
	AATGTTTTTT CAAAGCTTTT CTTAACTTCC GCTTCTTTAC CTATGCCACA ACCAGCAGTG	9960
45	AAACTAATGA CTAATATCAA AAACTAATA TACAATACCA ATTTGTTTAA TCGTTTCATA	10020
	ATTCACAAT CCTATTCTTC TTATTATCTT TCCTGGATTG ATTCATATT TTGATCGAGT	10080
50	CATGATTATT TATCCTCACT TGGTTTAAAA ATTAACCCAT CACTAAAGTA AATGTTCTCT	10140
	TCTTTTTTCT CTACAAACGT AAATTCAATG TCTTTATATC CAACTGATGA ACCTTTTAAA	10200
	TTCCCTGTAC CyTTCAACAA CaCTTCGGy GCTTTATTG TTGGTATGTC ATATCTTTTA	10260

55

ACCTCTGGAT TATATGATAT ATCTCCATCT TTATAATTCA TTAAATCTTT AAAATTGCTA 10380
 TATTGCGCAA AAAACTTAA GTTTTCGATT TCTTTTTTTA TGTtTTCTTC TTAACTTCC 10440
 5 TCAGTAGAAA TGAATTTATT ATTAATCATT TTAACGGAT ATTTTTTTTG ATTATCCTGA 10500
 GCTACTTCGT ATTTCTCCGT CTTTAtTTCA TTAGTATAGT AAAAtCCTTT TGCACCTCTT 10560
 GTATTCTAT CTATCTTCAA AAGCATGCCT TTTATTTTTA GAGCTTCTCC TTTATTTGA 10620
 10 ATTGCCATTT GAGAATTTAC AATCCATGTT CCCTTATCAT TTTTATCAAA TTGATCATCA 10680
 CGATATCCTT CTTTATCGTA TAAATCCTCT AGATTTTTTAA TCGGATACAT ACTCAATGTT 10740
 15 TTTTCAAAAC TTTTCTTT 10758

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 222:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 222:

nTaTcAaCTT TGGaATTTAA AgTCAATAAC TTTTTTAAAA ACTTTTTGTG TTCACAACCC 60
 GCtTCTTTTT CAACGCGTTT ATTGCTTAAC ACAAGAACTT ATTTTACCAG CATTCCAAAA 120
 30 CAAATCAACA TAAAAACGTA CAAAATAAAA GTAATTTTGT ACGTTTAGCA TATATTATAC 180
 CTATTIATTT GTAGCAGCTA TAACTTTTTG TGCAATCGAG CTATAAATT TACCTAGACG 240
 35 ATCATCTGAT TGATATATTG ACGGTGCAAA ATCTTTTGGA TTCCAAGATG GTTGCTCTAA 300
 AGGTAATTCC CCAAGTAATT GAGTATTAAG TTCATCAGCT AACTTAGTAC CGCCACCTTT 360
 GCCAAGACA TATTCTTTAT TACCGTCTC TTTACTTTCA AAATAACTCA TGTTTTCAAT 420
 40 TACGCCAAGA ATAGAATGAT CCGTATGTT TGCCATCGCA CCTGCGCGAg CTGCAACAAA 480
 TGCTGCTGTA GGATGAGGTG TCGTTACAAT AATTCCTTA CTTGAAGGTA ACATCGTATG 540
 AACATCTAAA GCTACATCTC CTGTTCCAGG TGGAAGATCG AGTATTAAAT ATTCAATGTC 600
 45 TCCCCATTTA ACTTCTGTAA AGAAATTCGT CAACATTTTA CCTAACATTG GCCCTCTCCA 660
 TATAACTGGC GCATTTTCTT CCACAAAAA GGCCATTGAT ATAACTTTAA CGCCATGACG 720
 TTCAACTGGA ATTACTTCCT TCCCTTTAAT TCCAGGCTTT TCATCAATAC CCATCATATC 780
 50 TGGTACACTA AATCCATATA TATCGGCATC TACTAATCCG ACTTTTTTCC CTTACGAGC 840
 TAAGGCAACG GCTAAATTTA CTGCAACAGT AGATTTACCG ACACCACCTT TACCGGAGGC 900

55

ATTTTCTTCT TTTGGTTTAA ATTGATTAC TTTTCTTCC GGCAATGTTT CAAATCGTAT 1020
 ACCGACCGTT TTCGCACCGT TTTCTTTTAA TGCATTAACA ACAGCCATCT GTAAATCTAA 1080
 5 aTTGCGtGCA CCACCTAATT GTGCCATTG 1109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 223:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3997 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 223:

TCTTTATTTA AAAAAATGAT TGTCTAGTTT GTATCTCTCT GAAGATTTGG CAATAAATAA 60
 20 AAGCCGATAA CCGTATAATG ATTATCGACT TAAAGTTTAT GTGGCATTIT TTACTTTTGT 120
 AATTTCAGGT GAGTTAGATG ATTATTATCA GATAGATTAT TGCTTATAAT CATATGATGT 180
 TTGAATGATA TCTTTGATTT CACTGATTAG TGCTTCTTTA GGATTAGCAG TTGTACATTG 240
 25 ATCTTCAAAT GCGAGCTCTG CCATTCTATC AATTGACTCA TTTAATTCTT CTTCAGACAC 300
 ACCTTGATGAT TTCAAATTCA TTTCAATTCC GACTGATTGA CCTAATTCGT AGACAGCTTT 360
 AgCTAATGAT TCTACGAGTG CTTCTGTCGT ATTACCTTTT AATCCTAAGA ATTTGGCAAT 420
 30 ATCTGCATAA TCTGTATCTG CTCTGAAGAA CTCATATTTA GGAATAATG CATGTTTTTG 480
 CGGGTCTTTG GCATTATAAC GGATAATATG CGGTAGTAAT ATCGCATTTC CTCTACCATG 540
 35 CGGAATACCA TATTCGCCAC CAATTTTATG CGCAATTGAG TGTGCAATGC CTAAGAATGC 600
 ATTTGCAAAT GCCATACCAG CCAAAGTTGA TGCCTTATGC ATTTTCTCTC TTGAAACTTT 660
 ATCACTCTTT TCAACAGATG ATTTTAAATA TTCGAACGTC AATTTAATCG CTTGTAGACT 720
 40 CAAACCTCTT GTGTAGTCTG AAGCCATTAC AGATACATAT GATTCCATTG CATGCGTTAG 780
 TACATCCATT CCTGTATCTG CTGTAACGCT TTTTGGCACA CTCATCACAA ATTGAGGGTC 840
 AATAATTGCA ACGTCAGGTG TTAAAGCAAA ATCAGCCAAC GGATATTTTA CATTTGTTTC 900
 45 ACTATCTGTG ATAAGTGCAA ATGGTGTTAC TTCTGAACCT GTACCTGATG TCGTAGGGAT 960
 ACAAATGAAC GTCGCATTTT CAGGCATGCC TATTTTATAA GTACGTTTAC CGATGTCTAG 1020
 50 GAACTTTTGT TTAGCACCAG AGAATGATGT CTCAGGGTGT TCAAAGAACA TCCACATTGC 1080
 TTTTGACGCA TCCATCGCTG AACCACCACC AAGTCAATG ATTGTATCCG GTTGGAATC 1140
 AACCATCATT TCCAGACCTT TATATACTGT ATTAGTTGAT GGGTTCGGTT CGACTTCGCT 1200

	ATAACCGAAT TCTACCATAC CAGGGTCACA GACAATCATC ACTTTTTCAA TCTTGTCCAT	1320
	TGTTGTTAGA CTCATGATTG CATTCTCTTC AAAATAAATT TGAGCAGGCA CCTTGAAAAT	1380
5	TTGAGTATTA TTACGTCGTT TAGCAATCGT TTTAATGTTT AATAAATCTG TCGCACTAAC	1440
	ATTATGTGAA ATTGAGTTTC TACCGTAGAA CCACAACCTA ATGTTAAAGA CGGAATCAAT	1500
	TCGTTATACA TATCACCAAT ACCTCCAACC GCTGATGGTG TATTTACAAG TACACGACAA	1560
10	GCTTTCATTC TTAGTCCAAA ATCTTTTTGT AATGTTTCAT CTTCTGTATG GATAACGGCT	1620
	GTGTGTCCTA ATCCACCAAA ATGTAGTGTG TCTTCACAAA TTTGAAATGC TTGTTTTGTA	1680
15	GATTGGGCTT TTAATAAGGC TAATACTGGA GATAATTTTT CACGAGATAA CGGATAGTCT	1740
	GAACCTACAC CGCTAATTTT GGCTATGATA AGTTTTGTAT TTTCGGGGAC AGGTATACCT	1800
	GCTAATTCAG CTATTTCAAC TGCAGATTTA CCGACAATAT CAGGCTTAAT ACCTGTTTTT	1860
20	TGTTTCATTCA TAATTGCATT TTCTAAGCGT TGTAATTCAT CTTTTTTAAC AAAGTATGCT	1920
	TGATGTGCTT TAAATTCATT AGTAACATCT TTATAAATTT CTTTATCAAT GACTACAACT	1980
	TGTTTCAGAAG CACAAATCAT ACCATTATCA AATGTTTTTG AACCAATGAT ATCATTTACT	2040
25	GCACGTTTAA TGTGTGCTGT TTTTCAATG TAAGACGGCA CGTTACCTGG TCCCACACCT	2100
	AATGCCGGTT TGCCAGTTGA ATATGCAGAC TTAACCATGC CCGAACCACC TGTGCTAGA	2160
	ACTAATGCAA TACCTTTGTG ATTCATTAAT TGTTTTGTG CTTGATAGA AGGCACTTCA	2220
30	ATCCACTGAA TAATATCTTT AGGTGCACCT GCCTTCATTG CCGCTTCTAA TACAACCTCT	2280
	GCTGCACGCT TCGACGATTC TTGTGCACTT GGATGGAATG CAAAATGAT TGGATTTCTT	2340
35	GTCTTAATTG CAATCATCGC TTTAAAAATA GTTGTGACG TAGGATTTGT TGTGGCGTA	2400
	ACACCACAAA TAACACCAAT TGGTTCCGCT ACATACGTTA ATCCTTTTTT TTTATCTTCA	2460
	CCAATAATCC CTACTGTCTT ATTGTCTTTT ATTGAATTCC ATATATATTC AGAAGCGTAT	2520
40	AAATTTTTAA TCGCTTTATC TTCGTATATA CCTCTCCAG TTTCTTCATG TGCTAATTTT	2580
	GCTAGACCA TATGTTGATC AACAGCTGCT AAGCTCATTG GATGAACAAT ATGATCAATT	2640
	TCTTCTGTG ACTTTTTAGA TAATGCTTCT AATGCTTTTT TCCCTTTGTC AGCTAGAGCA	2700
45	TCAATCATAA TTGCCACTTC TTGTTCTTTC GATCCACGAT TTTCTTTTTT AGGTATAGTT	2760
	AACATATACA ACCACTCCTT TATACTTTGT GAATTATTTT ACAAACATTA TAGTACATGT	2820
	CTCTCAGGAT ATAAAGAAAA TTCTATACAA AAAAGTTTAA TTTCGAATAT TATTTGAACA	2880
50	AATATCAAAT TTTAAATAA ATGTTTTCAT GAAATCATG TTATTCGGT GTTTTTAGAA	2940
	TGATTTTATA ATCATAATTT TTTCAATGAC ATAATTTATT CATAATTATA TATTTAATTC	3000

55

TCCTTGTCGA TACCTATCAA CAGATGTTAC AAATAAAAAC CaCCCGTGTG AACGGGTGGT 3120
 TTGTTCTGCG gCTATAAGCC TTCCTTACTG GCCaGCCCTA AAAGGGCACT GACAAGTCAG 3180
 5 CCAACTGCAC TACTATTCCA GCAATCCTAA AGGTTTACTC TTTTCTCTT CTTTTTTTAT 3240
 TTTTCTCTCC AGTGAAAGGA TCTAAATATT CTTCCATTGA AATTTTCTCT GCAACGATAT 3300
 CCTCTTGTA TGTATTACGA ATATAATTTT CAATCACTTT TTTATTTCTA CCTACTGTAT 3360
 10 CCACATAAAA TCCTTTACAC CAAAACCTTC TATTTCCATA TCTATACTTT AAGTTAGCAT 3420
 GTCTATCAAA TATCATTAAT TACTTTTCC TTTTAAATAG CCAACAAATG ATGATACCCC 3480
 AAGTTTGGGT GGTATACTTA CTAACATATG GATATGATCT TTACATACCT CTGCTTCAAT 3540
 TATCTCTACA CCTTTTCTTT CATATAATTG ACGTAATATA ATCCCTATAT CTTTTTTTAT 3600
 TTTTCCATAT ATCGCTTGTC TTCTGTATTT AGGTGCAAAG ACAATATGTT ACTTACAATT 3660
 20 CCATTTGTA TGTGCTAAAC TGTGTGTGTC AGATGACATT AAATAGCATC TCCTCGTGT 3720
 GATTATTTTG GTTGCTGAC CAATATTTAC TCTAACATGT AGAGATGCAT TTTTGTGACA 3780
 ATGGTAGAAC CTTTCTGGG GAGTGGGACA GAAATGATAT TTTGCGAAAA TTTATTTGCG 3840
 25 CGTCCACCCC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA AATTGGGAAT CCAATTTCTC TTTGTTGGGG 3900
 CCCC GCCCA ACTCGCATTG CCTGTAGAAT TTCTTTTCGA AATTCTCTGT GTTGGGGCCC 3960
 CTGACTaGAA TTGAAAAAAG CTTaTTaCAA GCGCATT 3997

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 224:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1391 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 224:

GnGCGAGACA AACACACtTA TTGGTGCCAT TATmCcTAGA ATGaATTCaT ATGCAGTAGA 60
 TGAaaCAATC AAAGGATTGG CAAAACAATG CCAAAAATAT GAATCaCAAT TAATTTTAAA 120
 45 TTACACAGGT TTAAATATCG AAGCAGAAAT ACAAGCGCTT GAAACATTAG CACGCaGTAA 180
 AGTAGATGGT ATTGTTTTAA TGGCTACAGA CATAACAGAG AGACATATTG AAGTCATTAA 240
 TAAAATGAAT GTACCAATCG TTATTGTTGG TCAACAACAT GAACAACTTC ATAGTATTGT 300
 50 GCATGATGAT TATAAGCAG GTCAAATTAT AGGCGAATGG ATTGGTCAAC AGGGATATCA 360
 ACAAGTTGAA GTGTTTAGTG TAAGTGAAAA AGATATTGCA GTTGGTATAC ATAGAAAACG 420

TACTTATGTG GAAGCACAAA AAGATGTTGC AAATGTTTTG GAAAATGTGG AGCAAGTAGA 540
 TGCGGTGTGTT GGAGCAACTG ATACGATTGC ATTAGCTGCC TATAAATATT ATTCTGATAA 600
 5 AAAAGATGTT ATGAAACCAC ATCAAATATA TGGTTTTGGT GGTGACCCAA TGACACAATT 660
 AGTGTCTCCA TCGATAAAAA CAATTCATTA TAATTATTTT GAAGCTGGCC AATGCGCGAT 720
 GGaAGAGATA CAACAGATGC TTAaaaAGCA AGATATGCCA TATAGCGTCA CAGTAGATGT 780
 10 TAATATTTAG ACGCTGTATT TTTTAAATA AATGTGGAAC CGATACCATA TAACTATAAA 840
 TGGATAGGTT AAAAGTTAAA GAACGTAGGT AAAATTTGCT ATAATAGAAT ATAAATTGTT 900
 AACAGCATAA ATTATAAAAG GAGGACTGGG TAAATATTAT GACCGAATGG ACTAGAGAAG 960
 15 AACGTTATCA ACGAATCGAG GACGTTGATA CTGAGTATTT TAAAACATTA AAACAACAAG 1020
 TTGATCAATC AAAATTTTCGT CAACAATTTT ATATACAACC AGAAACAGGC TTATTAAATG 1080
 20 ACCCCAACGG ACTTATTTTT TATAAAGGGA AGTATTATGT TTCACATCAA TGGTTCCCAT 1140
 TAGGCGCAGT ACATGGCTTA AAGTATTGGT ATAACTACAC GAGTGATGAC TTAATAAACT 1200
 TTAAAGCTGA AGGGCCAATT TTAAATCCAG ATACTAAATA TGACAGCCAT GGTGTATATA 1260
 25 GCGGTAGCGC TTTTGAATAT AACGGGCATT TATATTATAT GTACACAGGA AATCATCGAG 1320
 ATAATCATTG GCAACGACAT GCGAGTACAG ATGATCGCAC GATTGAAAGA AGACGGTTnC 1380
 AGTTGGnAAA A 1391

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 225:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 930 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 225:

ATTTATTTTA ATGTTTATAT TTTCTAACAC TTTTTTATGA TCATAGTAGT AATTGACATT 60
 TTTCAATTCA AAGACTGGTG TCATCGTATc TCACCTCGCA TTCAACTATA CAACTCCTAG 120
 45 TAACATATGT AAACAGTAAT GTTACGACT CAAAATTAGA CAAAATAAAG AGATATGCCC 180
 CCTTCAAGTT TTATTTATCG CATTTCTTGA AGAGAGCATT ATCATTTTAT TGTTGCATAA 240
 CCTTATTTTT TAATTCTGGG TCAAATTGCT GTTGTTTTAA CATTTCAATT TCAAGTTTAT 300
 50 ATGGCGGTTT TTTATTTTTT TTATCTTCAC CAACATAAGG TGTTTCTAAG ATTTTCGGAA 360
 TATCTTTAAA ACTATCATGA TGCACAATGT AATTTAATGC ATCAAAACCA ATGTAACCGA 420

GAACAACTTT GATTCTGTCG ACTCCAATGA TTTTATCAAA TTCATTTAAT ACGCCATCAA 540
 AGTCCTCTTT AACATTATAT CCAGCATCAT GCGTATGACA TGTATCAAAA CATACTGATA 600
 5 AACGTTTCGTT ATTATGAACT CCATCAATAA TACGTGCTAA CTCTTCAAAT GAGCGACCAA 660
 TCTCTGTACC TTTACCTGCC ATCGTTTCAA GCGCAATACG TACATTATTG TCATTTCGTTA 720
 AAACCTTCATT TAATCCTTCA ATAATCTTAT TAATTCGGC ATCAACACCA GCTCCAACAT 780
 10 GCGCACCTGG ATGTAATACA ATATCTTTAG CCCCTATAGC TTGCGTTCTk TCaATTTCTT 840
 GTTGCAAGAA ATCTACACCA AGATTAAACG TTTCTGGTTT GGTGTAttG CAATaTTaAT 900
 GATGTATGGT GGCATGAACA ACAATATTAG 930
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 226:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1984 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 226:

TGACGCACCA ATTTATAACG CAATTGACAA AACAATTAGA TATACCTGTG AAATTTGTAC 60
 CTGGAAACCA TGATTTATGG GAAGTTGAAA GTATGACTAC GCAAGACATT TGAATAATT 120
 30 ATAAGAGTAT GTCACAGTGC TTGGTAGGAA AACCATTTAT AGTAAATGAA GAATGGGCAA 180
 TCATAGGACA TACTGGCTGG TATGATTATA GCTTTGCAGC ACAACGATTT TCATTAGATG 240
 35 AGTTACAAAA AGGAAAACAT TATGGTGCGA CTTGGCAAGA TAAAGAACGA ATATCTTGGG 300
 GCATATCAGA TCAAAATTTA TCTAAAATAG CGGCTGAACA AGTGAAGAAA GATATATTAG 360
 AAGTāGGAAA TAGACGAGTG ATTTTAGTCA CACATGTTGT GACGCACCCT GATTTTCATTG 420
 40 TTCCTATGCC GCATCGTATA TTCGATTTTT ATAATGCATT TATTGGGACA AGTGATTTCa 480
 ATCCTTTGTA TGCGATGTTT GATATACCAT ATAGTATTAT GGGCCATGTT CATTTTTCGTA 540
 AAAGTGTGAT AGATGATGGC AGATGTTATC TCTGTCCGTG TCTAGGCTAT CCAAGACAAT 600
 45 GCGTTCAGA AGATATTTAC CAGGAAATAA ATGAGACGAT ACAAATAATA GAAATTTAAA 660
 ATGCGCAAAC CTGACCCAGT TTGCGCATTT TATGTTTTAC ACACGCGAGT AATGTGTTTA 720
 CTTACGTGTG TTTATTTTGT TGCTGATTTT CAATTGTATA TGAATGTGGT TGCACATAAA 780
 50 TGCACTTTCT TCCTGGTGAA TTAAAGCTGT ATTCCATTTT CTCTTTACGA ATTTTAATAA 840
 TTTGTTTGCG ATTTGGAATG ATGCGAGGTA AACTAGGCC ACGACGAATA TGACTCCAAA 900

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAAACTTG TTTTCGCTGGC TTGTTATCAA AGCGGAAAAC ACGTAGTAAT GGTTTAGAAC	1020
	CAAGATTAGT ATGGTATATT AACACAGGTT GACCTTGATC GATAATACCT TTAAGATCTT	1080
5	CTAACGATTT ACCAGTGCCG TCTACGATAT TAGGATTGTA TTTTGTAAA AATGGTACAT	1140
	ATGCTTCTGG AAATATCGTT TGATGATAAT TGCCAAGCTT AATGAATAAG TGATGTCCAA	1200
	CATAACCTTT ATGTGGATTG TTCGGATGTG TCGGCCAATG TCTCATAATT TCTGTAGCAG	1260
10	GGATATGTTG GTTGTGTAT TGCAACATCA TGGCTGCGGA AACACCTTCA CACCCCATGA	1320
	CCATAGGGAT AGGAAATAGC TGA CTGATAG GTTTAACTGG TAATATTTTT CGGTTCTATA	1380
15	TATAGTCCTC GCATTGATTC AATAAATATT TAATATAATT ATATAGCGTC AATGCAAAAT	1440
	GTCCTAAACA TATGTTTAC ATGAGTGAAT AAAATTAATG GAGTGATAAA ATGGAATATC	1500
	AATTACAACA ACTTGCCTCG TTAACGTTAG TAGGTATTAA AGAAACGTAT GAAAATGGAC	1560
20	GACAGGCTCA GCAACATATA GCAGGGTTTT GGCAAAGATG TTATCAAGAG GGAGTAATTG	1620
	CGGATTTACA GTTAAAAAAT AATGGTGATT TAGCCGGGAT ACTTGGCTTA TGTATACCTG	1680
	AATTAGACGG TAAGATGTCA TATATGATTG CAGTTACCGG AGATAATAGT GCTGATATTG	1740
25	AAAAATATGA TGTCAATAA TTAGCAAGTT CAAAGTATAT GGTATTTGAA GCACAGGGCG	1800
	CAGTACCTAA AGCAGTTCAA CAAAAATGG AAGAGGTTCA TCACTACATA CATCAATATC	1860
	AAGCAGATAC GGTAAAATCA GCACCATTTT TTGAGTTGTA TCAGGATGGT GATACTACAA	1920
30	GTGGAAAATT AATATTACCA GAAATTTGGG ATnCTGTTA AAGGGGTGAT TGAAATAnGA	1980
	AnTG	1984

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 227:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6373 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 227:

45	GATTCCACGT GTGTTAAAG AAGTTACaC TTCAATGATG GTATTTACTA ATTTCTTTAG	60
	AGATCAAATG GATCGCTTCG GTGAAATTGA TATTATGGTT AATAACATTG CAGAGACAAT	120
	TAGTAATAAA GGCATCAAAT TATTGCTAAA TGCTGATGAT CCATTTGTGA GTCGTTTGAA	180
50	AATCGCAAGT GATACGATTG TGTACTATGG TATGAAAGCA CATGCCCCATG AATTTGAACA	240
	AAGTACGATG AATGAAAGTA GATATTGTCC AAAGTGTGGT CGCTTATTGC AATACGATTA	300

	AAAATATGAA ATATCAAGTT TTGATGTGGC ACCGTTTTTA TATTTAAATA TCAATGATGA	420
	AAAATATGAT ATGAAAATTG CAGGTGACTT TAACGCTTAT AACGCGTTAC AGCATATACT	480
5	GTTTTAAGAG AGCTAGGGTT AAATGAACAA ACAATTAAAA ATGGCTTTGA AACGTATACA	540
	TCAGACAATG GTCGTATGCA GTACTTTAAA AAAGAACGAA AAGAAGCGAT GATCAATTTA	600
10	GCTAAAAATC CTGCAGGAAT GAATGCAAGT TTATCAGTTG GTGAACAATT AGAAGGCGAA	660
	AAAGTGTATG TTATTTGCGT AAATGATAAC GCTGCAGATG GTCGAGATAC TTCATGGATT	720
	TATGATGCAG ATTTTGAAAA ATTATCTAAG CAACAAATTG AAGCTATCAT CGTGACAGGT	780
15	ACACGAGCAG AAGAACTTCA ATTGCGATTG AAGTTAGCAG AGGTTGAAGT ACCAATTATA	840
	GTTGAGCGTG ATATTTATAA AGCAACGGCA AAGACTATGG ATTATAAAGG TTTCACAGTT	900
	GCAATACCAA ACTATACATC ATTAGCGCCT ATGCTTGAAC AATTAAACCG TTCGTTTGAA	960
20	GGAGGTCAAT CATAATATGC ATGAATTGAC TATTTATCAT TTTATGTCAG ATAAATTGAA	1020
	TTTATACAGT GATATAGGAA ATATTATTGC TTTAAGACAA CGTGCTAAAA AACGAAATAT	1080
	TAAAGTTAAT GTCGTAGAAA TCAATGAAAC AGAAGGTATT ACCTTTGATG AATGTGATAT	1140
25	TTTCTTTATC GGTGGTGGAA GTGATAGAGA ACAAGCATTG GCAACAAAAG AATTAAGTAA	1200
	AATTAAGACA CCACTTAAAG AAGCGATTGA AGATGGTATG CCGGGATTAA CGATTTGTGG	1260
30	AGGCTATCAA TTTTATAGGA AAAAATATAT CACGCCTGAT GGTACAGAAT TAGAAGGGTT	1320
	AGGTATTTTA GATTTTTATA CTGAATCAAA GACAAACCGA TTAACAGGAG ATATTGTTAT	1380
	CGAAAGTGAT ACTTTTGGAA CTATTGTAGG TTTTGAAAT CACGGTGGTA GAACATATCA	1440
35	TGATTTCCGT ACACTTGGTC ATGTTACTTT TGGTTATGGT AATAATGATG AAGATAAAAA	1500
	AGAAGGCATT CATTATAAAA ATTTATTAGG TACTTATTTA CATGGACCAA TTTTACCTAA	1560
	AAATTACGAA ATCACTGATT ATCTGTTAGA AAAAGCTTGT GAACGTAAGG GTATTCCGTT	1620
40	TGAGCCTAAA GAAATAGATA ATGAAGCGGA AATACAAGCG AAACAAGTAT TAATAGACAG	1680
	AGCAAATAGA CAGAAGAAAT CTCGTTAACT CTGAACATCG CATCAATGGA TTTAATATTG	1740
	ATAAACGATG AAGTTTAGTA ATTAATCATA TATGTATAAA CACACACATT ATTTTGGATG	1800
45	GAAACAACCA AATTGATGTG TGTTTTTTT TTCTAGTGAA TAATTATTAT ACAATGAGTA	1860
	TCTATCCTAG AATTATCAAT AGTAATGGTG ATTATGCAAC ATGAAAAAAT GAATGATGAA	1920
50	AGGAATTTGA CGATGAAGCC TACTAAAGTG ATATTAAAAG ATGCATCTTA TTTACATAGC	1980
	AAAACATCGA TAACATTTAT TTTAAAAGAT GTAGTTATCG AAGAAGATAA TAAAATTTAT	2040
	TATTTTCGACA CTAGTGCACT TTCGAAGATC AAGAAGTTAA ATTTGAATTT GCACTCTTTG	2100

55

EP 0 786 519 A2

TTATAGAACC TGATTACAT TTTACAATTA TTGATTTTAA TCAAGAACTG CTTTGTATTT 2220
 ATATTGATTT TGATTCTGGT TTAAGGCATT CAAACATGGC AACAGAATCT GGTATTTTCAT 2280
 5 TAAGGATAAA TGTTGCTAAA TCAGATTTTA CTAAATTTAT TAATGAATTA GCCTCTTTAC 2340
 ATTAATGATT TAAATCTGAT ATGTAATTAC AATCAAAAAA GACAGCCACA TCCCTCCGTA 2400
 GTTTAGGCGT GTGGCTATAT TTGAGTCTGA ATATTTATGC TTGTAATTTT AAAAAGGGAC 2460
 10 ATGCTATATA CGATAAAAAG AGGCGGGGAC ATAAATCAAT GTTCTATGCT CTACGAAGTT 2520
 ATATTGGCAG TAGTTGACTG AACGAAAATG CGCTTGTAAC AAGCTTTTTT CAATTCTAGT 2580
 CAGGGGCCCC AACAAAGAGA AATTGGATT CCAATTTCTA CAGACAATGC AAGTTGGGGT 2640
 15 GTGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA GGCAAAGCGA GTTGGGGTGG 2700
 GACGACGAAA TAAATTTTAT GAAAATATCA TTTCTGTCCC ACTCCCATGG TGCCAATTAG 2760
 CATAAGGTAC TTAAATTAAG CATATCTGCT GTCTAGCAGT CGATAAATCA TTAGAACTTC 2820
 GTATAGTATA TGACTTTTAA TTTGATTTTC ACCACTAATT TCAAGTGCTT TTATAGTCGA 2880
 ACGTAAAGTT TCTACAGAAT CATCTTCTCT CTAAAAGAA CCATCATAAA ATATATCTTT 2940
 25 GATGCTACTA CTAATTTTTA GCAATGCCAT TTTTTCGTCA CCTGAAAAGT TAACACGAGT 3000
 ATTTTATAGG AAGTAAATGA TATTTGATAA ATGAGTGATA AACAAACGAT TCGTATATGC 3060
 ACGTTTAGTT AATTGATTGA GTAATTTCCA ATCACATTCT TTTTCTTAT GATAGCTTAA 3120
 30 TTCATCACGT TGATAACTTA TTAACGTTTC AACTTGATTA TTTAAATTGA AAATATTTT 3180
 ATATGCTTTT TCGCTTTTAT CAGATTGCAG TCTTGATAAG ATAAGTTCTT GGCAGCGATT 3240
 GTAAAATAAT TTATACATCA AGGCATCTGT CTTACTTAAT TTTTCTTCGA CCTGACCATA 3300
 35 ATACTTAGGT GGAAACACCA TGAAGTTAAT TAAACCTGAT GTCACGAGTC CAATAATTGC 3360
 TGTCATGTT CGAGACAAA AGTTGAATAT GTAGGCATCA TGAATACCTG GAATCATAGC 3420
 TAATGATGTT AGTACAGCGA CATTCGTACC AACTTGCAAT TTGAGTTTG TACAGAATAA 3480
 AATCGTGAAC GTTGCACTCA ATGCATATGT AAAAGGTGAT TGATCGCCGA ATAAATATGT 3540
 AAATAATACT GCAAAGCCTG CACCAATTAC CGTAGCAGGT AATCTACGAT AACCTTTAAT 3600
 45 AAGTGATGCC TTGGCAGTTG GTTCAATTGT GACTACAGCT GTTAAAATGG CATAGATGGG 3660
 TGTAAATCT AGTGCCATAC AAAAGACAGC TGTAAAAAA ATGGCAATAC CAGTTTAAAT 3720
 TGTCTGGCA CCAATTAAAT GTTTATACCA TTGATCGTTC ATTTTAAAC CTCTAATCAT 3780
 50 CGTAAATCT TAGCGAGCGC TTTATAATAA TAGTATCGTA CATTGGAAAA GTTCATGTAT 3840
 GTAAAATATT TGAAATAATC ATACATAAGC ATTACTTGA TTTTCATATA CATTAAATCAA 3900

55

	CAAGCATT	TTT TCAATTATAG	TCCGGGGCCC	CAACATAGAG	AATTTCAAAA	AAGAAATTCT	4020
	ACAGGCAATG	CAGGTTGGCG	GGGCCCCAAC	ACAGAAGCTG	ACGAAAAGTC	AGCTTACgAT	4080
5	AATGTGCAGG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCTACAATTT	CTACAGGCAA	4140
	TGCAAGTTGG	GGTACAACGA	TAAAGAAATA	TTTTTCTTT	ATCACACTAT	GTCTCACTCA	4200
	CTTTCCAAAA	TACTAAAGTA	ACATCTTTAG	TATATCAAAG	AATTTTGTCT	ATAATAAGTT	4260
10	ATAATTATAT	AAAAAAGGAA	CGGGATAAAA	TGATTGTAAA	AACAGAAGAA	GAATTACAAG	4320
	CGTTAAAAGA	AATTGGATAC	ATATGCGCTA	AAGTGCACAA	TACAATGCAA	GCTGCAACCA	4380
15	AACCAGGTAT	CACTACGAAA	GAGCTTGATA	ATATTGCGAA	AGAGTTATTT	GAAGAATACG	4440
	GTGCTATTTT	TGCGCCAATT	CATGATGAAA	ATTTTCTTGG	TCAAACGTGT	ATTAGTGTCA	4500
	ATGAAGAGGT	GGCACATGGG	ATTCCAAGTA	AGCGTGTCAT	TCGTGAAGGA	GATTTAGTAA	4560
20	ATATTGATGT	ATCGGCTTTG	AAGAATGGCT	ATTATGCAGA	TACAGGCATT	TCATTTGTCTG	4620
	TTGGAGAATC	AGATGATCCA	ATGAAACAAA	AAGTATGTGA	CGTAGCAACG	ATGGCATTTG	4680
	AGAATGCAAT	TGCAAAAGTA	AAACCGGGTA	CTAAGTTAAG	TAACATTGGT	AAAGCGGTGC	4740
25	ATAATACAGC	TAGACAAAAT	GATTTGAAAG	TCATTAAAAA	CTTAACAGGT	CATGGTGTTG	4800
	GTTTATCATT	ACATGAAGCA	CCAGCACATG	TACTTAATTA	CTTTGATCCA	AAAGACAAAA	4860
	CATTATTAAAC	TGAAGGTATG	GTATTAGCTA	TTGAACCGTT	TATCTCATCA	AATGCATCAT	4920
30	TTGTTACAGA	AGGTAAAAAT	GAATGGGCTT	TTGAAACGAG	CGATAAAAGT	TTTGTGCTC	4980
	AAATTGAGCA	TACGGTTATC	GTGACTAAGG	ATGGTCCGAT	TTTAACGACA	AAGATTGAAG	5040
35	AAGAATAGTT	CAACATATAC	TAAGACTAAA	GTATGAACAT	CATTTAGTTC	CGGAGCCTAT	5100
	TCATATTGGT	TTCGGAACTG	TTTTATAATA	ATTAAGAACA	CAATCAATGC	GTCATTTCAA	5160
	AAATATGTTG	TAACAAAGTA	GTTTTTAAGC	AAACATATCA	TCGACATCAA	CGAAGATACA	5220
40	TAGCGCATTT	GGTATTTTAA	AACTTATTAT	AAAAGGTGAT	AGTTATGAAC	TATGTTGAAC	5280
	GTTATATTGA	ACAGTTTTTG	AGAGCAACAG	TAAGAAATAA	TATCAAGCAC	TACCTTTTAA	5340
	TGCTAGATGA	AAAAATGAAA	AATTTAGATG	ATTATATGCG	TTATTTAATT	ACTAAAAAAG	5400
45	AACAACTTAG	CAAGTTAATT	GACAGTCTAA	TGCTAACATT	AGAAAATAAA	TATATTGATA	5460
	TTGCTGAAGC	ATTCAAATT	CAATGTGCAA	GAGAAATCAA	TAATCAAGAA	ATTGAAAATA	5520
50	TTAAATCAGA	GTTGAATAAA	GTTGAAGCAT	ATTATGCACA	AATTGAAACT	CAAATTC AAC	5580
	AAACTTCAAC	TGAAAAAATA	GCAACAGAAA	AAACATCGTA	TCTAATAAAT	TATATGAACG	5640
55	CTGTGGCATA	GAAAGGCGGC	GAAACATGAC	ACACAAATAT	ATATCAACGC	AAATGTTGAT	5700

CTTTTTACTC GTTCTATTAT TGGGATGTGT ATTAGTTTAT GTAGGATATC TTTATTTTCA 5820
 TAAAATACGT GGCCTTTTGG CGTTTGGAT AGGCGCGCTA TTAATTGCAT TCACATTATT 5880
 5 GTCTAATAAG TATACAATCA TCATCTTGTT CGTCTTTTTA TTATTACTTA TTGTGCGTTA 5940
 TTTAATACAC AAGTTTAAAC CAAAAAAGT AGTTGCGACG GATGAGGTTA TGACTTCACC 6000
 ATCTTTTATT AAACAAAAGT GGTTTGGTGA GCAACGTACA CCAGTTTATG TATATAAGTG 6060
 10 GGAAGATGTA CAAATTCAAC ATGGAATTGG CGACCTACAT ATTGACTTAA CAAAAGCTGC 6120
 AAATATTAAG GAAAATAATA CCATTGTTGT TAGACACATT TTAGGTAAAG TGCAGGTTAT 6180
 15 ATTGCCGGTT AATTACAATA TTAATTTACA TGTAGCTGCT TTTTATGGAA GTACTTACGT 6240
 GAATGAAAAA TCATATAAAG TTGAAAATAA CAATATTCAT ATTGAAGAAA TGATGAAACC 6300
 GGATAACTAT ACAGTTAATA TCTACGTATC AACGTTTATC GGAGACGTAG AGGTGATTyA 6360
 20 TCGATGAAYC ACT 6373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 228:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 228:

ATAGnGAAAG CGTTTTACAC TTAATAACTC CCTCTTAAAT GCATCCAGGT TCTATGTAGT 60
 35 AAATCATGAA nATAACATAT AAATnTAGAG GAGATTTACC TTTGAATACA GAGAACAACA 120
 AGAATCAAAA CCAATCTGTT AAAAAATTCTG AAAGaCGCGG CATGTTAAAA GGATGCGGCG 180
 GTTGCCCTTAT TTCTTTTATT TTATTAATAA TCTTATTATC AGCCTGTTCA ATGATGTTTA 240
 40 GTAATAATGA CAATTCCACT AATAATCAAT CATCAAAAAC GCAATTAAC TAAAAAGATG 300
 AAAATAAAAA TGAAGATAAG CCTGAGGAAA AATCAGAAAC AGCAACAGAT GAGGATTTAC 360
 AATCAACCGA AGAAGTACCT GCAAATGAAA ATACTGAAAA TAATCAACAT GAAATTGATG 420
 45 AAATAACAAC AAAAGATCAA TCAGACGATG ATATTAACAC ACCAAACGTT GCAGAAGATA 480
 AATCACAAGA CGACTTGAAA GATGATTTAA AAGAAAAGCA ACAATCAAGT AACCATCATC 540
 50 AATCCACGCA ACCTAAGACC TCACCATCAA CTGAAACAAA CACGCAACAA TCATTTGCTA 600
 ATTGTAAGCA ACTTAGACAA GTATATCCGA ATGGTGTAC TGCCGATCAT CCAGCATATC 660
 GACCACATTT AGATAGAGAT AAAGATAAAC GTGCATGTGA ACCTGATAAA TATTAAACAA 720

	GGGAGATTTT TTAGGCATGA GCAATCAATT CAAAAGCGAA GAAGAGCGAA GACAATGGGA	840
	ACAATTCCAA GCTTTCCAAA ATCAACAAAA CCAACAGAAC CAGCAATACG GACAAAAGAA	900
5	ATCTAAAAAA GGATGGTTCT GGGGCTGTGG TGGTTGTCTA GTATTATTTA TTTTAATTAT	960
	CATCGGTATT TCAGCTTGTA CAGCTGGTAT TACAGGTAAC CTTGGCGGAA ATAGTTCTAA	1020
	AGAAACGAAC AAAACCCATA AAATCGGTG _a AACTGTTAAA AATGGCGACC TTGAAGTCAC	1080
10	TGTAAATTCA GTGGAACTA TGAAATCTGT AGGACCATCT CTTGCACCAA CAAACGCTAA	1140
	AGGTATATTT GTCGTTGCTG ATGTGACGAT TAAAAACAAA GGTAAAGAAG CGTTAACAAT	1200
15	TGATAGTTCA ATGTTTAAGC TAAATCCGG TGATAAAACA TTTGAAGCAG ATAATACAGG	1260
	TTCAATGTCT GCTAATCAAA GTGACAATGG TAGTATAGAA AATTCATTTT TCTTACAGCG	1320
	TATAATCCA GATAGCACTG CTCAAGGTAA AATTGTTT _c G ATGTGTCAGA AAACATAGCC	1380
20	AACGCAAA _a G ATAAAAAATT AGAAGTTATT TCTAGTTTAT TTAGCGTCAA GAAGATTACA	1440
	TTTGATTTAT CCGATGCTAA AAAACATCA AAAGCTAAAA AAGACAAGCA AGATACAGAA	1500
	GTAGCTGTTG CGAGTTCAAA TAGCGATAAT GTAAGTTATG AAGCTTCGGC TACTACACCT	1560
25	G _c TACAACTT CTAGTGCGGA TACTGATTCT GAAGATAGCG AAAAGTCTAG TAAAGATGAG	1620
	GATAAGCAGA ATGCGTCTAA AAGTGATAAA TCTAGTGTAG AAAAAAGTGA ATCTAATGAG	1680
	GAAACTGCTC CTGTAGAGCC CATGCCCAT AGCAAACCTA CCACTAGTGA aGCACCACCT	1740
30	AGCCAAAATA TTCACA _a TG _a AGATAGC _m TG TACGACGCTT CAACAGAATA AAAT _t nyCAG	1800
	tAGCTCGGCT ACCCTTCTTT TACGGAAAAA TTAATTATAC ATAATCaAT CaAGGAGATA	1860
35	AAAAAATGAA ATTCAAAGCT ATCGTTGCAA TCACATTATC aTTGTCACTA TTAAGTGCCT	1920
	GTGGTGCTAA TCAACATAAA GAAAATAGTA GTAAATCAAA TGACACTAAT AAAAAGACGC	1980
	AACA _a ACTGA CAACACTACA CAGTCAAATA CAGAAAAGCA AATGACACCA CAAGAAGCCG	2040
40	AAGATATAGT TCGAAACGAT TACAAAGCAA GAGGCGTTAA TGAATATCAA ACATTAAATT	2100
	ATAAAAACAAA TCTTGAACGA AGCAATGAAC ATGAATATTA TGTTGAACAT CTAGTCCGCG	2160
	ATGCAGTTGG CACACCAITTA AAACGTTGTG CTATTGTTAA TCGACACAAT GGCACAATTA	2220
45	TTAATATTTT TGATGATATG TCAGAAAAAG ACAAAGAAGA ATTTGAAGCA TTTAAAAAGA	2280
	GAAGCCCTAA ATACAATCCA GGTATGAACA ATCATGATGA AACAGATGGT GAGTCAGAAG	2340
50	ACATTCAACA TCATGACATT GATAATAACA AAGCAATTCA AAATGACATA CCAGATCAAA	2400
	AAGTCGACGA TAAAAATGAT AAAAATGCTG TTAATAAAGA AGAAAAACAT GATAATGGGG	2460
	CAAATAATTC TGAAGAACT AAAGTTAAAT AATGGCATAC TTTGATTAAT CGTAATTTTT	2520

	ACTATGCATG	GTCTTTTAA	TCAACTTAAA	CTCGGCATTA	TTTCAATCGA	AAACGCAGAG	2640
	CATACGCTTT	TTACACCTTA	TATGTTGGAA	ACGCTCTCTT	CCCTAGGCGT	GAAAGACAGC	2700
5	ATTGTGCGATT	TAATTCATAA	AGGGACTGAA	TTAGAAGACT	TTGCGGCATT	TAATTTATCA	2760
	ATTGAAGACA	CAGTTACAGT	CTGTTTACAA	AGAACTGAAG	AACTATTAAA	ACAATACAAA	2820
10	AATGTGGAAT	TCAATGACAA	AATATTAATC	AATTGGCGTA	TTATACAAGA	GAAATAGACA	2880
	TATAAAAGTC	GAATGTAACt	ACGTGAGTAT	TGATTTTATT	CTTTGTAAAT	TACAAGCATT	2940
	TCATATTATA	AAGTTTGAAA	AGAGGTATAT	TGAAATGGAG	AAAAATGAAT	ATATAGCTAA	3000
15	ATATAATGAA	TATAGTCAAT	TATTAGACGC	TACATACTCG	CAAGCTGTAG	CATmCCTTTT	3060
	AAGtAAATaT	GGCGCTGTAA	CCGATGATTA	TTATAAGaA	AAATCATACA	CGCGATTTTT	3120
	AAAtGGAGnA	ATCAAAAGTA	TTTCAAAAGG	AAAATACACT	AGAGCTAGCG	AaGGATTATA	3180
20	TTGCCATCAT	ATAAGCGAGG	ACAAATTCCA	AAATCTATCT	GATCTAAGAT	TCAttTCCAA	3240
	ATTTAAGTAC	TCATACGACG	TTCAAAAGAA	AGAAACTTA	GTGTACTGTG	ATCTAATCGA	3300
	GCATTTAATT	TTACATGCAA	TTATTACAAA	AGAATCCCAT	GGCCAATTTG	GTGTAGCTGG	3360
25	ATTATGTCAA	ATGATCAAAC	CAACAGTCAT	TGATTGGTAC	ATTGGCGAAT	ATAATCCAAA	3420
	ACCAGCATGG	ATGCAAGCCA	CCAAAGCAGC	TGCCTATTTG	CCTGGAATAT	TAGTAGAGAA	3480
30	ATTACTCATT	AAAATTGACG	ATATGTTAAA	AGGAATAGAA	ATATAAGATT	TCCTTGAGTC	3540
	TAGATAAATG	ATTAATGTAG	ATTTATTTTT	TGCTGTTGAG	ATTTTGTTAT	AGATGTTTAA	3600
	ACCTGTAATT	AAATATATTT	TATAAAATAG	ACCACGCATA	CCTATCTATA	AACGGrCAAT	3660
35	GTTTATAAAT	GAGTTTGCAT	GGtCTTGAAT	TGTATTAAAT	TTCTTTTGGT	TTTAATAAAT	3720
	CGACTAGATT	TTCACAATAT	TTATCAAATA	TGTATTCTTA	AATTATACAG	CCTTAATCCA	3780
	GCAgCTACTT	TCGAAACTTC	CAACTTAGTT	GATATAAGGT	TCAATAGTTT	GTTTCGTTCT	3840
40	TTTTCAGATA	AACCAGAACT	TAAATTGATA	TTATTGACTT	CATAAAAATT	ATAGACTAAT	3900
	GCCTCTATTT	GCTTTTTTAGG	CATAAGTAAG	TCGACTGAAA	ACTGATTTAC	GTCGCTTTCA	3960
45	TAAATCATT	CATGTAAATT	CTTTAGACTA	TTATCGTTAC	TATCTCTCAT	TAAGTCTGTA	4020
	TTTTTAAATA	AATAACGGCC	CAATTCACGA	GCTATTGAAA	ATCTTGATT	ATTAATCGAG	4080
	TGATTATTAT	TAATATAGAT	TGTTCTTCCA	CTTAAATAAC	CCGAAGTATT	ACCCTCCATT	4140
50	TTAATATATC	TAACATTTAA	ATTAAGTTGA	AATAATAGCT	TGTCTATGTC	AATAGCAAAG	4200
	TGTTCAGAAG	TAATAAAAAG	TTGATCCATT	TTGTCCTTTA	TAAATGCCTG	AAATAATCGA	4260
55	ACTATTTTTG	ATtCTAAAAT	ATCTTCATAA	TGAACtTTCT	CAATAACTTT	CAATTGATTc	4320

AACATTATTA AAATAAAACC CCTCTACTAC TATATGTAAC GAAGGGACAT GATTTCAAAA 4440
 TAAAATACCT TTTTATAAA TnTATTATAA TATCCCCCAC TATACnAC 4488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 229:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 846 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 229:

TATGGCGCCA TATTAGTTGT AACTGGTTTA AGAGGTCCaA GAAaTATCaA ATAAAGTTGT 60
 tCCTGGGCTT GGTACTGTTA TCTCaATATT GmWTGCaTTT GGTGGTCTAG CTTTAAATAT 120
 TGTAATATT GCTGGTGCCG GTTTAGGTTT AAATGCAATT TTTGGATTAG ATGTAAAATG 180
 GGGCGCAGCT ATTACTGCAA TCTTTGCAAT ATTAATCTTT GTAAGTAAAA GTGGCCAAAA 240
 AATTATGGAC GTTGTTCaA TGATTCTTGG TATTGTGATG ATTTTAGTTG TGGCATATGT 300
 GATGTTTGTT TCTAATCCAC CTTATGGTGA TGCTTTTG TG CATACTTG CGCCAGAACA 360
 TCCAATGAAA TTAGTCTTGC CCATCATTAC GTTAGTTGGT GGAaCTGTar GTGGTTATAT 420
 TACCTTTGCA GGTGCACATC GTATATTAGA CTCTGGCATT AAAGGTAAGC AATATTTACC 480
 ATTTGTAAAT CAATCAGCAA TTGCTGGTAT TTAACTACA GGTATTATGA GAACGTTACT 540
 ATTCCTAGCG GTATTAGGAG TTGTTGTAAC AGGTGTGACA CTAAGTTCTG AAAATCCACC 600
 AGCGTCAGTT TTTGAACaCG CAATTGGACC AATTGGAAAG AATATTTTTG GTATTGTGTT 660
 ATTTGCTGCA GCTATGTCAT CAGTAATTGG CTCAGCATAC ACAAGCGCAA CATTTTAA 720
 AACaTTTCAT AAATCACTTA ACGAAAGAAG TAATTTAATT GTGATTGTGT TTATCGTTAT 780
 TTCAACAATG ATTTTCTTAT TTATTGGAAA ACCAATCAGC CTTTAAATTA TAGCAGGCGC 840
 GATAAA 846

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 230:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2072 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 230:

EP 0 786 519 A2

	TCTTTTAAA AGGTACTAAT ATTTCTTTAG TGAAAATTGA ATCACGGTCG TTTATTGGTG	120
	CCTTGAGTAT ATTATTATAG ACGGAATCTG ATCTAATAAT ATTGATTTTA TACATGATAA	180
5	ACCTCCTTAT GTGTGCAGCA TAAAGGATAA CGTAACGTGA TTTTCAAGCA GTAATTGTAA	240
	CTAATTGAmA AAAATTAAGA AAAGTATGTG AGTGTTCTTA AwTAATATGa TTAAAATGAT	300
10	GGCGAATAAG TGTCTaAAAG CATCTTAAAG GGACATTGTA TAGGGTAAAT CACTTCATAA	360
	ATAAGGGaAA ATCCTTATGT TCACTTTTTTC ACAATCATnA TAAAATATAT ATGTAGTCAA	420
	TACTTTGTCT ATATTGAATG TTTTCATATA AATGAAAGCA TTTTAAATA ACATTGACCT	480
15	CTAATATATA GGCAGAGTAT TGATATCTAT TAAAAATAA ATGATTTTGA TGAAGGTGAA	540
	ACGTATGTAC AAAACAAAAG GTGGCTTTCA ACTTACATTA CAAACATTAA GTTTAGTGGT	600
	TGGGTTTATG GCTTGGAGTA TAATTGCGCC ATTAATGCCC TTTATTAAAC AAGATGTCAA	660
20	TGTTACTGAA GGTCAAATAT CAATCATTTT AGCGATACCA GTTATTTTGG GATCGGTGCT	720
	CCGTGTGCCA TTTGGTTATT TAACAAACAT TGTTGGCGCT AAATGGGTAT TCTTTACTAG	780
	TTTTATCGTA TTGTTATTCC CGATATTTTT CTTAAGCCAA GCACAAACAC CGGGTATGTT	840
25	AATGGCTTCA GGATTTTTCC TTGGTGTAGG TGGTGCAATT TTCTCAGTTG GTGTTACATC	900
	AGTTCCTAAA TATTTCCCTA AAGAAAAAGT AGGTCTAGCA AATGGTATTT ATGGTATGGG	960
30	AAATATCGGT ACAGCAGTTT CTTCATTTTT AGCACCACCG ATAGCGGGTA TTATTGGTTG	1020
	GCAAACAACA GTTAGAAGTT ACTTAATTAT TATCGCTTTA TTTGCATTAA TTATGTTTAT	1080
	TTTTGGTGAC ACACAAGAAC GTAAAATTAA AGTACCATTA ATGGCtCAA TGAAAmCATT	1140
35	ATCTAAAAAC TACAAATTAT ATTACTTAAG TTATTGGTAT TTTATTACTT TTGGTGCTTT	1200
	TGTAGCATT TGGTATTTCT TACCTAACTA CTTAGTAAAT CATTTTGGAA TTGACAAAGT	1260
	AGATsCTGGT ATTCGATCAG GTGTATTCAT TGCGCTGGCA ACATTCTTAA GACCAATAGG	1320
40	TGGCATTTTA GGTGATAAAT TTAATGCAGT TAAAGTATTG ATGATTGATT TTGTTGTTAT	1380
	GATTATCGGT GCCATTATTT TAGGTATTTT AGACCATATC GCATTATTCA CTGTAGGCTG	1440
	TTTAACAATA AGTATTTGTG CAGGTATTGG TAACGGCTTA ATCTTCAAAT TAGTACCATC	1500
45	ATACTTCTTA AATGAAGCGG GATCCGCAAA TGGTATCGTA TCAATGATGG GTGGTTTAGG	1560
	AGGATTCTTC CCACCACTAG TAATCACGTA CGTAGCTAAT TTAACAGGAT CAAGTCATTT	1620
50	AGCATTATTT TTCTTAGCGG TATThGGAnG TATTGCATTA TTTACCATGC GTCATTTATA	1680
	CCAAAAAGAA TATGGCTCAT TGAAaAACGG TTGATATGTA ATACATGCCA TTcATTTAGT	1740
55	TAAATACAAA GCCTTaATAT CATGCGCAAT ATTCTAGTCA TGACATTAAG GCTTTAGTAG	1800

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAACT AGCAGTAATA 1920
 TGTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTGAA GTTACGCTCA 1980
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGwA 2040
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccc TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3159 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTTG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTT 60
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120
 TATACGGTCT TTAATGCTT CTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTGTTG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240
 CATTTCATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300
 TTCTAAAATC GCTTTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTC AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480
 35 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540
 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600
 TTTACCTAGT TCAAGTATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCCCTT TTTGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720
 TTCACCATTT TCTACATATA TTTCAATTCC ATTAGCATT TCCGTGCAAG TCTCAATGT 780
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960
 TCTCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020
 50 TTTACAACA GAACTCGGTC TTTCACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080
 GGTTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTAA 1140

EP 0 786 519 A2

	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TcAAATGATG CyTGTTCAAA	1260
	GTCTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTAA AATTTGATAT CGATGATtTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTGTG CTCTGCTAAT AACTTTTTCA GGTAATCAG	1440
10	CTAATTTGCG AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTMTA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTTCATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCATT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TATATTTTT GAGCAATTTT	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTGTGTT GTAAACGTTT	2160
	AGTATATTTT TTAACCTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTTCATGGC	2220
	TTTGTCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAAACG	2280
35	TTCAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCACCTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTTATTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTTCTAGTT GATTAACTTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCGGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTGATTAAG	2760
50	ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
55	TGCTCCCATT GGTGTTTTTCG TTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTTGATTT	2940

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120
 5 CACACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1238 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60
 20 GTCATTTGCT GTTTATTTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTyAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240
 25 CCTAACCTTA TATTTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAATACTA 420
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTC TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAaGtGTA GGTGTTCACT 900
 45 TTGGTGGAAA CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTtTAT TTCTCTCCTG 960
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020
 TTAAAAATTA ACAACAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTGAAA 1080
 50 TGATTAaaaa AAATAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140
 GCAGAAAAAT GaATAAAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTTAAC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6444 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

TGATAAGTCA	TTTAAATTGT	CACCTATTGA	CATGACTTCT	TTCATTTCAA	TCCCTAATCT	60
TTCGGCAATT	GTTTCTAGCG	CAATACCTTT	TTGTGCATCT	GAATGCGTTA	TTTCTATATT	120
TCCTCTCGAA	GATGATGATA	TAGCTAAATT	CGGAGAKTCA	GCTAAAATTT	TACTAGCTTT	180
GTCAATTTTT	TCTAAATTTT	CATCAAATGC	TAATATTTTC	ATAATTAATT	CACCAGGTAT	240
GTTTTCAATA	GCATCATAAT	TATCAACAAC	TyTCAACGTA	CCATTATCTA	TGCGTCTTTG	300
AATACCATTT	TTAATACGCT	CAACGTTTGC	ATGTTGACCT	GCACGCTCAG	CAATATCTAT	360
GTAAATGTCT	AAATCTCTTT	GTGGATCTTC	AGTATAAATC	GCACGACTCG	TGTATACTTG	420
ATAATAAATA	CCTGCATCTT	TTAAAACATT	TGTAATTTTG	TGTACTAACG	ATTTATTAAG	480
GTGTGAAGTG	CTCATTACAT	TGAAAGTTTC	ATCACGTACT	TCAGCACCAT	TCAAACAAAT	540
ATATGGTACT	GTTAAATCTG	TGTCAGCAAC	TGGTGCTTGk	GCTTCATAAA	ATGCTCGACC	600
TGTCGCGATA	ACAACCGTTA	TCCCTTGTTT	TTGAGCGTAT	TTAATCGCAT	CAATATTAGG	660
TTGAGAAATT	TCATGTGCTG	CATTAAAGTAG	CGTGCCATCC	ATATCAGTGG	CTATTAGTTT	720
TATCAITATG	TnACCTCGTT	TCGTAAATnT	AAAATCTTGT	TCTTAAATAA	GrATATATAC	780
TCAGCGCACA	TACTTTtCTA	TTAmCATTTA	TATkGTCATT	aATTTATCAT	ATAATGTAAT	840
TCTaACAAAT	nTTAAAtTAGT	ATGTACTATC	GTCTAATTGG	TGGATTtCTT	ATTGGCTCTT	900
AAgTTTTTTAA	AAAATGTTGT	TAATAATGTG	CTACATGCTT	CTTTAAGTAC	ACCTTTATCA	960
ACAATTGCAC	GATGATTAAA	ATTAGATTGT	TGCAATAAAT	TCATTAAACT	GCCACTACAA	1020
CCACCTTTAG	GATCATCTGC	GCCATAGACG	ACTCTTGGA	TGCGACTCAT	TACAATTGTT	1080
CCTGCGCACA	TGACACATGG	TTCTAAGGTT	ACATATAATG	TGCAACCTTC	TAAACGCCAA	1140
CTACCTAACA	CTTTGGCTGC	ACGTTCAATT	GCAATATGTT	CAGCATGCGC	CGTTGGTTGT	1200
TGTAGTGTTT	CTCTTaAATT	ATGTGCTCTA	GCGATAACTT	CATCATCTTT	AGTGATGATA	1260
GCACCTATAG	GTACTTCGCC	TAGTTGAGCT	GCTTTTTTAG	CTTCTTCAAT	CGCTAATGTC	1320
ATAAAATATA	TATCATTTGT	CATTTATGTC	CAGATACCTC	ACTTATGGTA	CAATACTCAA	1380

EP 0 786 519 A2

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGCAC ACAAATTAAG TCAAACCTTA GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAAC TGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAAT AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTC AGAATTCAG TAAATTTAT GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTTAGA TGCAGACCTT GATGTGTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgTG AtAcTGTAg	1860
15	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAAACCTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTTAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTGGCAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTTT AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT GTAATGATT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATTC AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTTCT TTTTAATTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATTCCTTCT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
50	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

EP 0 786 519 A2

GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC 3300
 ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT 3360
 5 TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC 3420
 CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT 3480
 10 ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTCTGATT ATGCTGATTC TATGATATTC GTTATCCCCT 3540
 GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA 3600
 ATCCCCTTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAAACTTAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC 3660
 15 ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACCT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT 3720
 TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT 3780
 TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA 3840
 20 ATAACGATT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA 3900
 CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACTCACCT TTATCATATG ATTGGAATAA TTCATCGATT 3960
 GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA 4020
 25 CGTGAATAC CAGGTAAAAT ACTGCCATTC AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA 4080
 ACGAAGAAAA TGTTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTC AAC ACCATCAAGC 4140
 CATAATACTT GGTGATAACC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA 4200
 30 TAGTTACCTG CAACTTTTGC AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTCATCT 4260
 TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT 4320
 35 AAAATAATTA ATAATTTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA 4380
 AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA 4440
 ATATCAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT 4500
 40 AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT 4560
 TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT 4620
 TGTGCAGCAG GTGAAATTTT AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT 4680
 45 TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT 4740
 TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTTAAAGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTTGAGC 4800
 ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC 4860
 50 CaTATTTTGC TGTTCACAA ATTTTCTAAA AATCAAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA 4920
 AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC 4980

55

EP 0 786 519 A2

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAATAATAA GAGTAATTTA 5100
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160
 5 TTTTGTTC AATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280
 ACCTTGTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTCTAGT 5400
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700
 CGTTACTTGT GCGGTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCTTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCATA AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GgACATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240
 GAAATTCTAG TTGTATTAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300
 40 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360
 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCh TTAAATAATG TTTCATACCT 6420
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4721 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT 60
 TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT 120
 5 GATAGTGATT CATTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG 180
 ACTGCAAACT TTATTGCTTG GTTGATATATT AGCATTATTT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA 240
 AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTCG 300
 10 GGTTCCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG 360
 ATTTTACATT ATATCATTTG CAACTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG 420
 TTTATTTGCT AAATTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG 480
 15 CTTATACCTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA 540
 AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTTAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTTC 600
 20 GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTACC 660
 TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT 720
 CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA 780
 25 GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA 840
 TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA 900
 CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA 960
 30 TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA 1020
 CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA 1080
 AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT 1140
 35 TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA 1200
 GCGCTcTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT 1260
 40 TGCATATGAC GGTATTCACT TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT 1320
 AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA 1380
 TATTACATTA CTTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCATTAAA AGTTTAGTGC 1440
 45 TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTGTAAAC ATTCTAATTG 1500
 GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCCG 1560
 AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGTTC TGTCGCAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT 1620
 50 TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TTAATAAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT 1680
 GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTTAATTATG AAAAAATCG TTACAGCTAC 1740

55

EP 0 786 519 A2

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGGAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATAACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATAACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GctAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCGTGTC GTGTTTCAGA	2400
20	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCTA CAAACCAAGC	2460
	AGGTTTCATAT AATTTTCATTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCATCTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAATA TATTAACAACA GCATTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGAA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATAAAGGC CCTCGTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
40	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTGCA ATGGCACAAA GTGGCTATTC GGTCTCATTA TATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTGCAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAgC TTTTTTCCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55

EP 0 786 519 A2

5 TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA 3660
 TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG 3720
 TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG 3780
 AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc 3840
 TAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAACAT 3900
 10 ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA 3960
 TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC 4020
 GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG 4080
 15 GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTACG GAAAATGCTT 4140
 ATCTCAATTA TcAACAAgTT TTTcATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC 4200
 TAGTAAATAC GAATAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG 4260
 20 TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT 4320
 TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AAATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA 4380
 25 TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG 4440
 GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAACAA AGGATTTAAA TTTCTTAAAG 4500
 AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA 4560
 30 TGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGCAAg ATAAACGCGC GAGAAGCGAA 4620
 GAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG 4680
 TCTATGGCGT GTGGTGCaTT GATATTTaAT CgTAGACATC A 4721

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3516 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

TATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTTAC 60
 TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG 120
 50 AATTATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC 180
 TGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA 240

EP 0 786 519 A2

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAACGTG	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT	600
10	AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTCCAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATACTTTA ACCAATGGAT GGAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCctTT CTCyACGTTA GGTGGCCTG ATTTAGAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTTAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTTAAAGTTG AAGATATCGA TTAAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTTATT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAAGTTAC	1620
	ACGTTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTATGCC	1680
	ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC	1740
45	TTCATGGCCA GAAGTGGTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTGAA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCGTGTA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG	2040

55

AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAACTTTGTA AGTAAAGCAC 2160
 CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG 2220
 5 GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG 2280
 AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA 2340
 TGGAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAGGGT ATTCATGTAG 2400
 10 GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG 2460
 GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC 2520
 15 TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG 2580
 TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA 2640
 CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAG TACATCCTGT TGATTTTGTC ATTGTTGAGG 2700
 20 CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTCGACAA ATGTCCTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA 2760
 CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG 2820
 ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG 2880
 25 CATTAAAATA TGTTCTGTAA CGCGCAATTG AACACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA 2940
 GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT 3000
 TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA 3060
 30 TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA 3120
 TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT 3180
 TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA 3240
 35 AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA 3300
 TTAACGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG 3360
 40 ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC 3420
 AATTAGTAGA TGAATACGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA 3480
 CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA 3516

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 7481 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

55

	TGAGTGATAG AATCAAAAAA GCCATCTCAA AAATTAATCA AGCAAACAAC ATTCCAAACA	60
	ATGsTCGCAA ATCACCAGT TATCACTCTC CAATTACGTA ACTATGATTT AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA GGTTTTGTGA TATATAGTAT AAAATTAATG AGAATTAAAT TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm TTCgGGGTCG GGTGTAATTC CCAACCGGCA GTAAATAAAG CCTGCGACCT	240
10	GCTAGTATGT ATCATATTAG TGGCTGATCT AGTGAGATTG TAGAGCCGAC AGTATAGTCT	300
	GGATGGGAGA AGATGGAGGT TTTTGTGTGT GCAATAATCC TCCTATTCTT ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA AAATTGAATA TGCAACAAAA TAAACGTCTT ATCACAATAA GTATGTTGAG	420
15	CGCGATTGCG TTTGTGTTAA CTTTTATCAA GTTTCCTATA CCATTTTTCG CACCATACTT	480
	AACTTTAGAT TTTAGTGATG TACCGTCACT ACTAGCTACA TTTACGTTTG GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA GTTGCACTGG TTAAAAATTT ATTGAACTAC TTATTTAGTA TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA TTTGCTAACT TTTTAGCAGG CGCAAGTTTC TTATTAAGTG CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAT AAACGTTCAA CAAAATCTTT GATTACTGGA TTAATCATTG CAACAATCGT	720
	TATGACTATC GTGTTGAGTA TTTTGAAGTA TTTGCTTCTA TTACCTTTGT ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA GCTGATATCG CAAATAATCT TAAAGTAATC ATTGTTTCAG GAATTATACC	840
	ATTCAATATT ATTAAAGGTA TCGTTATTTT TATTGTATTT ATTTTACTAT ATAGAAGGCT	900
30	TGCGAATTTT TTGAAAAGAA TTTAATCAAA TTAAAGCAAA ATAATATACA CATAATAATA	960
	AAAAGCAGGT GACTATCAAT AAACGATAGC TTGCCTGCTT TTTCTATAGA ACATTTGTCT	1020
	AAAAATCAA TTATTCaAAT TTTAAAGCGT CCCCATCAAA TGATTGCTCT GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTGt AGGGCATCCa TCAATTGCAT CTTCCATATC TTCATATAAT TCCTCAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT ACCTTGTTTA TCGTCAAGGA TTACGAAAGC AATACCTTCG TCGTCGTAAT	1200
	CATATATATC TGGCGCTGCT GCACCGcATG CACCACATGC AATACAAGTA TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA TTTTGCCAAT GTCTTCGCCT CCTTTGATAA AAATGCTAAA ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT TTAGACAGCA TCATTTTTAT TTTCAAATTA TCCGTTTTAC AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC AACACATTAT AAAACAGCA TTACAACAAA CATTTAACTA TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT ACAATATCTT AGTTGGTAAG AAATCTCACC AAACCTTTTT TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC AGTTGTCATT ATATCACAGT TTACCACTAT TAAAATATCC GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTtTAG AAAAAATCAA TGAATTTAAT GCTGAAATGG AAATCATGTT GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG aAAGCATGGG GCAAACATTT CAAGCAATTC AACTATTAGT GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA AACAACATGT TTTTCATTTT GTACCAATCT CTCAAATAA TAAGATACam	1740

55

EP 0 786 519 A2

	AATGAACTAC ATAACCTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTTA CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAAT GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT	2040
	CAAACCTATA TTACTTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT	2100
10	CAACAACAAG TTAATAATCA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT	2220
	TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAAATTGA CACGTTATCA	2280
15	TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTTCATGA	2340
	TATTTTACGA AACAAATTTG GATTCGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG TCTCAACAAC ACACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAATAAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG	2580
25	TATTTACTCT GGTATGGATG AAATTGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC TTTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC TTTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA	2760
30	TGATTTGAGA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTGA CGGAAATGTT	2880
	AGCGATTCAA TTCAATGTTA TTAAACTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA	2940
35	TCTTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATGGTGAAC TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT	3360
	GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTTCA AATAGGAGAA TTTTtagCTC CCGATAAACA	3420
50	AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGaAAC AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA	3540
55		

EP 0 786 519 A2

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTTGATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
	GGTGTTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
30	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGSTGGCA TGGCCAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACAACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAACT TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
50	TACTACGGTT CAGGTTCAAC GGAAATGTT GAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340
55		

EP 0 786 519 A2

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTTATT CAACTCCGTA GCTAACAAATT CTCTATTCAC ATTAAACAAA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGCGGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
15	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAAA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTTGAAGA AGTATTAAGT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTGA CGGTTCTATA TCGTGGTGA GATTATTGCG	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATT TTATTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
40	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAAATA AAACCTTGTT GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CTTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA 7260
 CCTAGCGGAC CATGATTTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA 7320
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATT AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAAATA ACAACAGGTT G 7481

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 6346 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTGGG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120
 25 CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGCTCAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC 300
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TGCCTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780
 45 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840
 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTGAGC ACAACATATT GCTCATGTTG AAGCATTATA 900
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020
 TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

EP 0 786 519 A2

	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTAAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGAA TTGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
15	TATGCGACT TATATTTTAA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGACAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTTGTTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAACG AAGATATCGG CATTGTCATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGGAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
40	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTT CCGTGCAATTA GGCATAGCGC	2460
	TAACTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAACACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTCCGG	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCCACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880
55		

EP 0 786 519 A2

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TCGGTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTCTGAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCCAG GTCGCATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTAGTTTTG	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCATTGC TTCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACGCG TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTTTG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTAGTGTAGG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAAT TCAAGTGCTT TAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
40	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTGTAA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTTCTGCA GGTTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT	4680
55		

EP 0 786 519 A2

	AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA	4800
	CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA	4860
5	ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA	4920
	TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA	4980
	GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA	5040
10	CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG	5100
	GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA	5160
15	CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC	5220
	AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT	5280
	ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC	5340
20	AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT	5400
	GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC	5460
	GAAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTGCTTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA	5520
25	TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCTAGCC	5580
	TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA	5640
	CTAACTTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT	5700
30	AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATWAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA	5760
	AATTAAGTGT ATATATTTAG TTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT	5820
	GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAACTGTAAT	5880
35	AGCTCATAAA TCTCCCATTA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC	5940
	CCAAGCATGT AAATATTAAA AATCAAAAMA GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA	6000
40	ATTAAATTGT GTCTAATTAT TGACTAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA	6060
	TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTTAAATACA	6120
	AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG	6180
45	TTAAGTAAAT TATTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA	6240
	AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT	6300
	GTAGGTGCAT CTTCCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG	6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCACG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC TCACTTGTIT TAGCAGGATG TAGTGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGTACAACCTG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTGTGTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTCGC GTCAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAACCTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAAGATA TTATCCAACT TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATTG CATTAATGAA CGCTGATCAT ATTTTGTAG TAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGA	900
35	AATTTAGACG CAGTTAAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAAT GATTGGAAT	1140
	ACGCTTGCTG CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCACTGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCTTT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTGTG TCATTTTGTG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTGGGGGCG TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TGCGATGCTA TTTACAGCCT TTACTCAAGG CATACTTATT	1560

55

EP 0 786 519 A2

	AATATTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
	CGATTATTAC CACCAAACTA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
10	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTCTTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
15	TCTTTTAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACCTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTAATGTT GCAAAATGTA TTAAAAATC CAATTGCCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TGCGCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTCATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
45	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCAGT TAACTAACCG TTGCGAGGTT	3120
	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360
55		

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGcncCGTTT 3480
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA 3660
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAAcNAGA 3720
 10 nAAAATTGCA GAACnTGTTA CATTGTTTGA TCAAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60
 25 CTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTTGG TGACGTATTT 120
 TTAAATTTAA TTAATATGAT CGTTATACCA GTTGATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180
 TCGAACGTTG GGAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT 240
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACTT ATTTAAACCA 300
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGa AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420
 35 ATTCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540
 TTTTAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTT TGGATGATTA ATAAAAATTT AAAATTAGCA 600
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCAAT CATTGTGACT ACAATTATTA CATTTGGTGC ATCCGCATTA 660
 TTACCACTAT TAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTT TGTATTGCT 720
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG 840
 ATGAAGAAAA TGGAAACTT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900
 50 GGTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTGCTT 960
 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAAATCGTT 1200
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAArGnCCC TTACAACCTT TGgTTgTnAG GGCTnTTTTA 1320
 TGTCATGCGT CTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1489 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120
 25 GATTATTTTA TATTTTGTCA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTTAG 180
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAAATAA TTGCTTTATT 240
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTTGC 300
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAAGTGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480
 35 TTCGCTTTTA TCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGAATTAC 600
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAAGTGG AGTTTGGTT CTCGATTATT 780
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTCTCATT 840
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTACAA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900
 GGTGGAaCAT TTGGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCATT CATTGGTATT 960
 50 GAACTTATAG GTGTaACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

55

TTAATCGGCG TACCATTTGC AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440
10 ATGATnATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5000 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAAT AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60
25 TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTT AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120
TTAGCTTCA CTATTAAAAT TATTTGCATA TGGTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTtAA 180
TCCAKGACCA TAAAGAKGAT TCCAATATAC ATTAAGTAAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATTCTC TAATGTTTTT AAATAATTTA ATGTACTGCT 300
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTTGGTTCTA CTAATGGTGT 360
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTTGCTA TATTATTTGT 420
35 ATTTTGAATA TTTGAAACTG TAGTTTTGTA TTTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480
TTTTTtTACA GTATAGATTT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540
ATTATTAGTA ACTTTATTCG TTTTCTTCTG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTGTTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660
TTTCGGAGTA TTTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720
TTTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTTATTTT 780
45 GTCTTTTGTG GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTTT GCGAATACAT TTTGCTCATA 840
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTTATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900
50 CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAAATTCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960
ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTTATTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020

EP 0 786 519 A2

	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACCTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
10	CAGCATGTCC CATACTTTT CCAGGAGGTG CTGTTGTGCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTCAT ATTCGCTTTA ATCCATTTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
15	TAAAGTTTGT TCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTGA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACTTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTGTAGCTT CTTCACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACTTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTTGTTT TGTATGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG	2100
	TATTCCTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATTGTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTTGT ACCTTCTAGG CGTACAACTA	2280
	GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
	ATTCATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
40	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTGCGATCT TCTTCTTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAAC TAATGGGTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTCAATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820

55

	AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG	2940
	CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTTT	3000
5	GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTTT TTTACCTTCT GGACCAGTTT	3060
	GATGTGTCAC CAAAGTTTTT CCTAATAATT CTTTTCGATA TGTTCCTACC TCAGATAAAG	3120
	ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CCTGCTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA	3180
10	CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG	3240
	CTACTCGTCC TTCGGAAGT GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT	3300
	CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTTA CTTAGGTTAA GTTCCCTTAC AATTATAAAA	3360
15	AATGTAAGCG CTATTGTAAA CTTAAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA	3420
	TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTTCAAAGC TTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT	3480
20	CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTTGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTCA AAACCATATT	3540
	CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCAG AAAAACCTTT GCCATGATAC	3600
	TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTGTCAT CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG	3660
25	CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA	3720
	TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCATCT ATTTCTTnCA	3780
	GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA	3840
30	GACGTTTCGT AACAGGTACT TTTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTTGAAT	3900
	TTAAAATTGT TGCGCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA	3960
	TCCCACAAAT AATAGCATTG GGATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT	4020
35	CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTTCCT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG	4080
	CATTTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTCTATG ATTTTCTAAT TCTTCTATTG	4140
	TATTAACCGC ATTAATCAAC TGCGTAACTT CTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC	4200
40	TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA	4260
	TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTCA TACCACGTCG AATTAAGCCC	4320
	ACGTTTTTTT CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT	4380
45	ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT	4440
	GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT	4500
50	ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA	4560
	TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTTGTTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG	4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCTTTTTTCGC GTTCAAATTT 4740
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTAC CGTGCTTAGC 4800
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATT TTGACATCTC 4860
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTTAATAAC 4920
 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACTATA TGGAATTCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980
 10 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCGTTT GTAGCTATTT 60
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTaC CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240
 30 CATTTTTATT AGGTTCTATT GTTGCAACCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTY TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420
 35 AATTTGCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480
 GAGTtCCATT TATTATAATT GTAGGAATTG CTATACTTGC CTTTGTTTTT GGTtGGTTT 540
 CAATCTCGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720
 45 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTtTTTAAA AATAGAACAT 780
 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

GAATGTTTTC AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACTTTTTA 1380
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAAATAAT TATAGTAGTT 1440
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTATACTTTT 1500
 AGTGATAGAC TAAGCAAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGCTTAA AATGATTAAG 1560
 15 GGGGATTTGC TTTGTTAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAAGATC 1620
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAGTTTCT ATTAAGGGAG 1680
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGT 1700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 10146 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAATTaC TTGTTTAAAT 240
 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300
 40 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360
 TTATaTAAAC ATTTTGCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420
 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTACATTA TCAGCAAGAC 480
 45 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540
 ATTCAAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTTGGGAA 600
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAACATA GGATGTATAC CTTCGAAGAC 720

55

EP 0 786 519 A2

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTACTGGAT TTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTAGTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
10	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
15	TACAACAGTC CATAACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
	CGAAATTAAA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
20	TGTTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAAGTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
	ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
35	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTGTGTC TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTTCATGTCG TTTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAT TCTTCTTCAG	2100
40	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTTCAG CATCGGGATC TAATTTTCC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTCGATTT CATTAATTTT TTCGTTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520
55		

	TGATGTTTTA GATGCGCCGT GATACTTTTC AGCAATATCA CACAAATATT TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA TCAACTGTAG CTTCTTTATC CATACGTTGA ATAATTGTAC GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT TGCACACCTT TAATGTTATT TGTTTTAAAA GCATGAATAA GTTTTTC AAC	2760
	ACAACGATGT GAATCTTCTA AGAAGTCACC GTAAAATGAA GGATCTGATT TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA ACAAAGTGTG GTGATGACGC CGGTGAGCCA GTCCAACCGA TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA GGTGCTTGTA ATGGTTCGAT GTGCAATCCA GGCCAGTTTT TGATTAAAAC	2940
	TTCTTCAACC GTAGTATCTT CAATTGATG CTTAACCCAT TCATGATCAA AAGTACTATA	3000
	CGCTAGCCAT CCACTATATA CACTCACAGC AATATCTCCG CATGAACTTA AACTTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT GCAATCACTG CTAGTTTATA AATGTATAAA TTAGATAACT TCATATCATA	3120
	AAATTCAATT AATACTTTTA TAACTGACAC AAGTACTGCT GCACTTGAAC CTAATCCATA	3180
	TTTATGACCA TTTGAATCAT CTAAATTACT ATCAATAGTC AGATGAAAAT GCTTCATCGC	3240
20	TATATCGCAA CTTTTGCGT ATTGTTCAAA TATTTCAATA GCTGTGACCA CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT GcATGTGGAT CTGAAATGAC AATACTATCT TCATCTCTAC TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTTATGA TGTAATGCTT TTGAATGAAT GGTACCTTTA TATTGGTCTG CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT ACAAACGAT CTAACGCAAT AAGTACAGAT TTATATCCTG GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT CCAGCAATAT AAAGTTTTCC GGGTGCTTTG ACCTGAATCA TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA ATTATTTCAA TCCTGTGGC AATAATGTCA CTATCAATAA TTTGGTTATT	3600
	ATCAAAGTGT GTTAATAATT TATCTATAAT CTGTTGCTTG TTTTCTTTT CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA GGTCCCGCAT CCATTGTAAA ATAACACGGA TACCCCGCTT CTCGGCATTG	3720
35	GTGAACAAGC GCCATGACAT CATAACTTTC TTGCACAAGA TATGTGAACG GCGGTGTTGA	3780
	TCCTAGATTG GTGGCATGCA TACGCAAACC ATTTTCTTCA ATTACTTCAC CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG TCTTGAATCG CTGCTTTTGC TTCAGTAAA TCTTCATCAA TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA TAAAACCTTG ATGTGTTTCG TGTCAATGAC ATACCATATC GACTAGGTAC	3960
	CTTTTTAGAA TGTGATTAA TCACAACAAA TATCATGGCA AGGTCATCTT CAAAATGATT	4020
	CGATTCAAGT GGAACGGCAT ATGACGTCTC ATCACTATAC CCTTTTTCCC ATTCTGCAAA	4080
45	TCCACCATAA ATACTACGCG ACGCAGAACC CGAACCAATT CGCGCCAATC TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC AGCTGCATGT CTAGCGCTTG ATTACAAGCT GCTGCTAAAG CTGCATATGC	4200
	GCTTGCCGAT GAAGCCAACC CTGCTGCTGT TGGTACAAAA TTGTCGCTTT CAATTTCTGC	4260
50	ATACCAATCG ATGCCAGCTC TATTTCTGAC AATATCCATA TATTTTGAAT TTTTCTCTAA	4320

AAAAGTGACT TTCGTTTCAG TGTA AAAATTT TTCTAATGTA ACAGATATGC TATTATTCAT 4440
 TGGAAATGATT AGTGCTTCAT CTTTTTTACC CCAATATTTT ATAAGTGCAA TATTCGTATG 4500
 5 TGCACGTGCT TTGCCACTTT TAATCAACGC ATTAACCTCC TAAATTCTCA ATCCAAGTAT 4560
 GTGCTGCACC AGCTTTTTCT ACAGCTTTTA CAATATTTTT CGCTGTTGGT AAATCTTTGG 4620
 CAAGCAATAA CATACTTCCA CCACGACCAG CGCCAGTAAG TTTTCCAGCA ATCGCACCAT 4680
 10 TTTCTTTACC AATTTTCATT AATTGTTCTA TTTTATCATG ACTAACTGTC AACGCCTTTA 4740
 AATCCGCATG ACATTCATTA AAAATATCCG CTAAGGCTTC AAAGTTATGA TGTTCATCA 4800
 CATCACTCGC ACGTAAAACT AACTTACCGA TATGTTTTAC ATGTGACATG TACTGAGGGT 4860
 15 CCTCACAAG TTTATGAACA TCTTCTACTG CTTGTCTTGT TGAACCTTTC ACACCAGTAT 4920
 CTATAACAAC CATATAGCCG TCTAACTTA ACGTTTTCAA CGTTTCAGCA TGACCTTTTT 4980
 GGAACCAAAC TGGTTTGCC TATACAATCG TTTGCGTATC AATACCACTT GGTTTACCAT 5040
 20 GTGCAATTTG CTCTGCCCAA TTAGCCTTTT CAATGAGTTC TTCTTTGTT AATGATTTCC 5100
 CTAAAAAATC ATAACCTGCA CGAACAAAAG CAACCGCGAC AGCTGCACTC GATCCTAATC 5160
 CACGTGATGG TGGTAAATTC GTTTGGATCG TTACTGCTAG CGGCTCTGTA ATATTATTTA 5220
 25 ATTCTACAAA ACGGTTCAAC AAAGACTTAA GATGGTCAGG CGCATCATAT AACATACCAT 5280
 CGTAAACATC GCTTTTAATA GACGAATAGT TCCCCTCTC TAAGGCTTCT ATTA AAACTT 5340
 30 TGATTTTACC TGC GTTAAAC GGTACTGCAA TAGCAGGCTC TCCAAATGTA ACAGCATGTT 5400
 CTCCTATTAA AATAATCTTA CCTGTCGATT CCCCATATCC TTTTCTTGTC ATGTCAATAT 5460
 CACCTTTTAT ATTTATCCTA TACTTGATT CATTATTTTA TTTATTAGTA AAAGACATCA 5520
 35 TATTCTAAGT TGCA tngCAT TCGCGTTAAA TTTCATTGCA GTCTTTATCT CACATTATTC 5580
 ATATTATGTA TAATCTTTAT TTTGAATTTA TATTTGACTT AACTTGATTA GTATAAACT 5640
 AACTTTGTT TACTTCAAAG TTTAAATCTT ATCGAGTGAT ATTCAGATT CTTTATCTTT 5700
 40 TTATAAAATA GCCCTACAAT TTATAATTTT CCACCCTAAC TATAATACTA CAAATAATAA 5760
 TTGGAATATA TAGATTTACT ACTAAAGTAT TAGAACATTT CAATAGAAGG TCGTTTCTTT 5820
 CATAGTCATA CGCATTATAT ATACCCTATT CTCAATCTAT TTAATACGTA AAACATGAAA 5880
 45 TTTTCTTATT AAATTTATTA TTTCCATCAT ATCATTACTT TTAATTTAAT GATGTTCAAT 5940
 TTAAATATTA GGTCAATAAC ATATTTATGC TTTTATGGA TACTTTCAA AATAACAGCC 6000
 50 CCAAACGATA ACTTGAAAGG GGCTGTTAAA TATTTAACTA TTGCATTTGA TCTATCATTT 6060
 TCTTGTTTCT TTCAATCATT TTATCAAAAT ACGTATCGTA TCTTGCCAT TCTTCTTGAG 6120

55

	TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG	6240
	GTTCAATTTT AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG	6300
5	TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG	6360
	CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA	6420
	AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT	6480
10	CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG	6540
	TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC	6600
	CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCGTT AAATAATCAA	6660
15	TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT	6720
	GAATCCAAGT ACGCACAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTTCG CAAAATGTAT	6780
20	CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGGTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT	6840
	TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAAGGCTT GCGCTGCTGT	6900
	AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG	6960
25	AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGCATCATAT CCACCTAAAC GTTGTGCAAT	7020
	TTTGTAAACA ATATTACCAG CTTCTAAACT TGGGAATACA AAGACATTTG CATCACCTTG	7080
	TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG	7140
30	GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTTtGTT GTGCTAATTT	7200
	GACAGCTTCT TGAACTTTTG TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT	7260
	TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGAC TTTCTACTGC	7320
35	AATTTCTGCA AGTCCTTGTA AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA	7380
	TTGTTTCATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT	7440
	TTTGATGATT TGTAAAGCTG GACGCACAGT GTCGCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC	7500
40	TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA	7560
	TAATCTTGT GCTTGTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC	7620
45	TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG	7680
	ATCAAGTTTT TGCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC	7740
	ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG	7800
50	TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC	7860
	CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTCA CGGTATAATT ATACGCCATT	7920

55

TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG 8040
 CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT 8100
 5 CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCATTTT 8160
 TAGAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA 8220
 CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC 8280
 10 ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTCAT 8340
 ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG 8400
 AGAACCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT 8460
 15 TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG 8520
 AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA 8580
 AACAAATTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTCGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT 8640
 20 CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG 8700
 CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCG 8760
 25 ATCAATTCTT TCGGATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCCA 8820
 AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTTCG TTTATCTTCA GTATATTCCC GTATACATAA 8880
 GACGTGATTT GGTAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT 8940
 30 ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAgTsac CCGAgTAGTC TTCCTTGGGA 9000
 GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT 9060
 ACTCTATACA ATTTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA 9120
 35 AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACTTCA AGAGAATTTT 9180
 AACTACTAAA AATTCCGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAAT 9240
 CAATAACAAC TTATCAAAAA GCTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT 9300
 40 ATTAAATTCT TATAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG 9360
 AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG 9420
 AAGGTACGCG TGTAAGAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA 9480
 45 GTAACAGCTT TGTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTCGGAA TCGTTTCCTA 9540
 GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA 9600
 50 TTTCGCGTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA 9660
 AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA 9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTWA CACGCACAGT 9840
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCTCTG 9960
 TGTTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTCAACA 10020
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTTnCGCTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTTT 10140
 AGCTTC 10146

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2022 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTChTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTCAAGTC 60
 GACAAATATG TAACCAGTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120
 GTTTGTAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAAA 180
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240
 ACATTCGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTTC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360
 35 CGCAATAAAT GATCTGTAAA ATCATTTTCA AGTGCAATAA TTGATGCTC ATGTTGCCAA 420
 AAATtTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480
 TCAACCACAC TAAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAAATATTT TAAAAATGCT 540
 40 GTTTCCGATT CTTTAAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600
 TTCAATACTG TATTTAAAAT CACTTGGTAT TTTGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACTTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTTCAG 720
 45 AAAATTCGGT GTATTGATT TAAAATTTTT TAAAATaNA AAGGCAAGAC ATTTGTGCCT 780
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTtATATT GaAGTTGTAC TTCTTGACA TATTGTCCTT 840
 50 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTCTA TCTTTTtATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900
 ATCCCGATT CTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960

EP 0 786 519 A2

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080
 CTTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140
 5 ATGTGGAAAT ACAACATAT CTGTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTTCCATCT 1200
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380
 ATAACCGGTT AAAGCAACAA CACCTTTTTC ACCATTTTAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440
 TACAAATTTA TTTAAATTTG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500
 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTATCG AGTACTAAAC GGTGAGCATA 1560
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620
 20 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTGTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680
 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAAA 1740
 TTCATTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAAA 1800
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860
 TGTTTCCCAA TGTTTCATCA TTTTcGATTT aTGCTTTGCA TACTCATTTG GATTAACAGA 1920
 TTTATTkTGA GCTTTCTCAT TTTGCTTGGG ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTATATG CATTAAACAT TC 2022

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 35 (A) LENGTH: 1340 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCCTAG 120
 TTGGTGGCTT AATTTCAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTAA 240
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG 300
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

55

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAATC GGTTTGATTA 480
 TCGGTTTTGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCGGT CAAATTTTCC 540
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAAATTTT AGATAGTGAC AATGTTACAG 720
 10 AGTTAAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTGTAGTAC 780
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTGTGGT CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCTTTATTT 840
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTTGC TGGTGTAAAT AATGCTACTG 960
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACTTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCTTTTGG AGCGTCAATT GGAAGTAGATA 1140
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCATT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200
 25 CAAGTGATTC AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260
 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 35 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

40 CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAGAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300
 50 TAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAGAC GGGAGCATTC 360
 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

55

EP 0 786 519 A2

	TATTCACAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG	540
	GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTCG	600
5	CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT	660
	CATTTCAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTACTAATCA GATGGCGAAA	720
	GATATGATGA ATAAATTTGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG	780
10	CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA	840
	TATTTTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT	900
15	TCTTCAAACt wGcTTATTTc CGaAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTcATAG	960
	AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaA ATTAAGATAC ACAATGTTGC	1020
	ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTTAAACTA ATAACAGAAA	1080
20	ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA	1140
	GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA	1200
	AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa	1260
25	ATAAATACTA TcMAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaTTGr ATTcATGCAa CTAGGTCAAT	1320
	TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA	1380
	ATATTTTAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA	1440
30	TAGCAAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGGAATAATA	1500
	TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTcAT AGATACTkTC kSTACGCTAG	1560
	AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAA TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGGACC	1620
35	AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA	1680
	GATTTTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT	1740
	AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA	1800
40	GAGCTATGCA TTTTATTTAA AATGCGTAGT TCTTtTTTTA TGCATCTAAA TTCATATTAT	1860
	TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT	1920
45	TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT	1980
	TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTTAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG	2040
	AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG	2100
50	ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA	2160
	GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTACGAC GACGTCCGCC	2220
55		

EP 0 786 519 A2

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGAAT TCATTTTGTT GACGTTGGCC 2460
 ACCATTTTGT TCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640
 AACACAGTTA ATAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TTCGTGAACG TACGATTTAC 2700
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820
 TTGTCTTCGT CTTACCGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCAGTC TTTTGCTTCT 3000
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTA 3060
 25 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120
 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180
 TTTCATTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TGCGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTca 3240
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTTGaA ACTTTChATG ATATTTTnAA 3300
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTh CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360
 ATTTA 3365

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1032 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTAAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACCTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

55

EP 0 786 519 A2

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360
 TGTGTACTTT GCTAAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGgAG CTaAGGCTCG TACTACAAAG cAACaAGCTA 720
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGAmAATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAaGGTG 900
 20 AGCGTATTGG TGTGTTGGG CCAAATGGAG CTGGTAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020
 ATTTTAAGCA AA 1032

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 852 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:
 35 TGTGATTAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACT GATTACAACG GCGTTTATCA 60
 AGGTATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120
 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180
 40 GTTTTAAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAAATT 240
 CGAAGTATTT TGGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTAAAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300
 ACGAAAAAAT GGTTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360
 45 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTTT CGTTGTTCTT 540
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGAAAG CACCTGCTTT TACCGAAGCT 600

55

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTTAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780
 5 CGTTTATTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTcGA AGGtGCCTCA 840
 ACATTAAACAC AA 852

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

20 CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT AACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTCAA 60
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCCTTGTT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATTCCCG TGATAAATTA 240
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360
 30 GCCAAGAACA CAAAGGkTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCT CAAATACCGA TTAaaTTTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTA 480
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTG TAAaATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTAA ACTCTAATGG 720
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCAG TCACGAGATG AACCCATACC 840
 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900
 45 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960
 TGGCGCTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTA CTTCGTG 1020
 50 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCACTTGAT GATCTTGTA 1080
 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCAGTTGT 1140

EP 0 786 519 A2

	TTCTTTAGAT AATCCTTGGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
	AATAGGTTCA TTTTGTAAAT CAATATCAAC CGTTCCAGCT AATGCATAAG CAACAACATA	1500
10	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTT	1620
15	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGAAGCC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAACT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCAATTGA GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAT TTTATCTAAA CCGTGTCTT GGTGCTGCTG	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAAATTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCTGAAA GCGATGCTT AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
40	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTTCAAGCTT AATACCACCA ACACCCCATC CTAGTACGCC	2520
	AATACCATT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAACTATT CCAGTTGCAG GAGGAACTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATCTT AATTTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

	GTCTGTAATT	ACAAAATCAT	CTTCTTGACG	AAGTAAAGAT	TCTAACAAAA	CACGAATTGA	3060
	ATAAGGTAAA	TTGGAAACTT	TAGTAATACC	TTGCTCTTCT	ACAGCTTTTA	AATCATAGTA	3120
5	AGTATAACTT	TGGCCATTCA	AGTCAAAATG	TTTTTTTGAT	TGCTCTTTAA	AATTTGCAGC	3180
	CATTTAATGA	TCCCCCTTGA	TACATTTTTA	TATTTATATG	CCTTGATTAA	ATTGTATTAT	3240
	TATATTTATT	GATAAACAAAC	TCATCATGCT	TAGAAAACGC	TTAATTTAGG	TTTGGACTTT	3300
10	TTAATCAGAG	TATATAAGCA	AACTTATCA	TACAGGTAAG	GTGTAATAAG	TATTTTTTAT	3360
	TAATTGAGAA	TAATTATCAA	TTTCGCGAAT	GATTCAATTC	AATTTTTTAA	CGTATTATTT	3420
	CATTGAGCAG	AAAGAAAATT	ATGGCACCAA	ACTTTAATAT	TTTTTTCAAT	GTCATTCTTT	3480
15	TGATGGGAGT	GGGACAGAAA	TGATATTTTC	GCAAAATTTA	TTTCGTCGTC	CCACCCCAAC	3540
	TTGCATTGTC	TGTAGAAATT	GGGAATCCAA	TTTCTCTTTC	TTGGGGCCCA	TCCCCAACTT	3600
20	GCACATTATT	GTAAGCTGAC	TTTTCGTCAG	CTTCTGTGTT	GGGGCCCTCA	CCCCAACTCG	3660
	CATTGCCTGT	AGAATTTCTT	TTTGAAATTC	TCTGTGTTGG	GGCCCTGAC	TAGAATTGAA	3720
	AAAAGCTTGT	TACAAGCGCA	TTTTCGTTCA	GTCAACTACT	GCCAATATAA	CTTCGTAGAG	3780
25	CATAGAATAT	TGATTTATGT	CCCAGCCTGA	GTTAATTTTC	TATAAAAGTA	TATTTAATTT	3840
	GCGTTTATAC	CGTCAAACCT	CACTTTAGCT	TTGTCAAACC	CCTTTCTATT	AAGTTTTTCAG	3900
	AAATAAACCT	ATCTTAAAT	ATAAAAAAAT	CGAGAATTCG	TAGTTTAATA	ACGAAATTCT	3960
30	CGTTCTTATC	CTTTTGAATA	TACTCAATTT	TCCACAAAAA	CAAACAAGTA	GTATATCTGT	4020
	TCTAGCTACT	AGAATGACAT	ACTACTTGTT	ATTAAAATAC	TTAACTAAAC	TTTATTAGTT	4080
	ATCTTTTTTC	TCTATATTTT	TACGTGACTG	ACGCTTTTCA	AGAATGTCAG	ATTCATAATC	4140
35	TTCTTGTTGA	CTCTTGATAT	ATTCTTGTA	GCGATGTTTA	TTCGGAGTCA	ATGTTAAACC	4200
	TAGGAAATTTA	CGTTCTGGT	TCGCATCCTT	GTAGAACTT	ACCATCATGA	GTATGACGAC	4260
	AAAGGAGAAT	GGGAATGCAC	TTATAATTGC	AGCACTTTGA	ATCGCATTTA	AAGCTTCAGC	4320
40	GCCGTTACCG	CCACCAGCTA	ATAAAAGTAC	AAATGCTATT	AAGGCCTGTG	AAATCCCCCA	4380
	AACAACTTTT	ACCATACTAG	ATGGATTTAA	TGAACCAAAT	GTTGTTTGCA	TTCTTAATAC	4440
45	AAATGTTGCT	GAGTCAGCAG	ATGTAATAAA	GAATGATGCA	ATTAATAATA	ATGCAATCAA	4500
	CGATAAAACA	ATGCCAAATG	GCACATGATT	AAACTCTCCA	AATAGCTGTG	TTTCAGGAGT	4560
	CATATCAAAA	ATTTCTTTGT	GTTTCTTACC	TGTCTCGATG	CCTAATACAC	CAAAGACACT	4620
50	AAACCAAACA	AACTAACAA	TTGCTGGAAC	TAGCAAGACA	CCAGAAATGA	ACTCTCTAAT	4680
	TGAACGTCCT	TTTGAAACTC	GTGCAATAAA	CACTCCAACG	AATGGACTCC	AACTTAACCA	4740

55

TGCTGTATCA AACTATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA 4860
 CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC 4920
 5 TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT 4980
 TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG 5040
 AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTTGTAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC 5100
 10 GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC 5160
 TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT 5220
 ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT 5280
 15 CCCCATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT 5340
 GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT 5400
 ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG 5460
 20 TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTTCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG 5520
 AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT 5580
 25 TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT 5640
 ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTC 5700
 TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA 5760
 30 GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG 5804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 35 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTTCGACAA TATTTAATTT 60
 TTCATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTCGCT ATGAGCCAGT TAATAAATGG 120
 45 AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCaATCATT AAATATTCAC TATCGTATTT 180
 GATTATTCGA TATTTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC 240
 50 ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT 300
 CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTtTC ATATTTTAAa TCTGAATTTA 360

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

```

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA      60
AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGcA AACAAAAAAG      120
ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT      180
CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT      240
ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATAA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC      300
TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA      360
AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TArYACTTTA CGGCGGTCAG      420
TTTAACCCTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTTCA TGAATTACAG      480
CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT      540
ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAAATGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTTGA      600
GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG      660
GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT      720
AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT      780
GTAAATCGAG ACAAAAATAG TCAAATGTT GAAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT      840
AGGGTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCTGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA      900
GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAACTAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA      960
AAAA

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

EP 0 786 519 A2

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120
 ATAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGTnGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTTCATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAT ATATTGTAA CTAAATTTAA 360
 10 AATAGTTATT TTGTAAATC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAATTAAA TAGGTCGCGG 420
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAAATAC ATGAAATTA ATTTTCTAAT 480
 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540
 15 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TTCGATGTAT AAAATTTTAA 600
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTTCAAG TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTTCACT TTGAGTCCTT 840
 25 GAATCTCTTG CGGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTCC 900
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgAATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080
 ACCGTAAGTC TCTTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1098 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCTT TTATTCTCCT 60
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

AAAAAAATCT TCGAACATTC AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATG 360
 AATTATTATT TAAAATTTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTAATATTCA TTATTTGATA GAAATCAGCT 480
 TTTTTTGAAA TGTATTTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540
 GCCATTAGTG CAAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAAA GGAAGTTTAA 600
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATTT 660
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTCG ATTTTTTTAC 720
 GTTGTGTGTC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATTG CGTTTTTTAT 780
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTTGTTGGT TGTTTGTAGT 840
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTTCTC TTGTTTTTCG CTGATGTATG 900
 TCAATACAGC GAATTCCTTCA AAGCTAATTG AATATTCCTT TTTAATTAAA CTTTTTAATT 960
 20 TGTACAGCATA AGTGACCAAT GATAACAACCT CAAAGCAATC ATTGATTTTT GTAATTGCCA 1020
 TGTTTAAAC CTCCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTGCCCCGA TAATATATG 1080
 25 TATCTAATCT TTATGAT 1098

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2881 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGGA 180
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACAT CAATTCAGAA AAGTATATAA 240
 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300
 45 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360
 TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420
 50 KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGAATCCGAT GACTATATAA 480
 ACAAAGAGAC TTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

EP 0 786 519 A2

	CACCTGAAGT TACTTTGTGA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTAAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTAAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTATATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
20	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
25	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTTGAATA ATGATTTTTA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
45	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
	GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

55

EP 0 786 519 A2

	TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA	2460
	AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT	2520
5	TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA	2580
	AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT	2640
	TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA	2700
10	TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA	2760
	GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA	2820
15	AAAGAAaAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAn ATTTAATGGT ATAGATAATT	2880
	A	2881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

20	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1056 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

	ACCGTCGAAT ATCGCTTGTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT	60
30	ACATATCCCG AATTTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCCAT AATTTTGT TT TGGATTTAGT	120
	AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTTAAATG TTCATCATT	180
	TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA	240
35	TTTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATT TG TATTTATCAG GTGGATTAAG TTGGAATTTT	300
	ATCCGAATGTT CCAAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG	360
	TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA	420
40	TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC	480
	CATGAATTTG TAATATATTT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTTGGAT AATTAAACCT	540
45	AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA	600
	TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATTT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT	660
	tCGCTTGTA TAtCACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA	720
50	GTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGGT TACGGCATCA	780
	TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTAAAATTG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC	840

55

TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTACTAyTAA AATTGATGCT 960
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTTAAT 1056

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60
 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180
 ACAAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240
 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300
 AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420
 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540
 AGTTCTCAAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GTkACTTGGT 600
 AAAGGTGACA TGTTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780
 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTGgAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTTA 900
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960
 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020
 ATaCATTtTA AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080
 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCGACGAT GTTTATGAAG CAATTCAGCa 1140
 TTGATTACTG AACAAATCAT TAAAGATAcT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

15	TACCGTCGTT TTATGyGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAra CCACACAAAG CTAATTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGTTT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
45	TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
50	TTTATTTTTG AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCT TCCCTATCAT	1260
	ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320

55

	ATTTAATTTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAGCCCCA ATACAATTTA GGTAAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCTAA	1560
	CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT	1620
	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAArATn CTGrACTTCA	1680
10	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAAATGCTG AAATAGGTAA TGTAAATCACC	1800
15	CATGTAATGA TCATTCGTTG CGCagTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTIG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG cTGTCGCACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTGCTC TTGTTAAATT TGCATTTTAA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCCA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATTCCAA	2460
	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTTTCCAA TTTAAATGGA	2520
35	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCArCACTG CTGCCATTAA AATTGCCGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
40	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTCT	2820
45	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCATTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTTA TCAACAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTCGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

55

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAc tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300
 5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360
 TACTAAACAT TTAAATCCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420
 TGTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480
 10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540
 CTGTATTTC CTTATA 3557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1631 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

AACTATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60
 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAATT 120
 CAGTTAAACG TTGGCTTG TG ATTTCATGTT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTCAG CAAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTTT 300
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAAA CACTTTTGA 420
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTG TGGCGACCAC CTTGTTTTCT AATTGTGCA 480
 TTCATATATC GTTTATCTAA TAGTTGTGA ATATTTTGG AATTGTATAT CTTCCATTA 540
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTCGACT AATAAACTTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGGA GGATATAATT GGTTGAAAA ATGGCTGAAG 720
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840
 50 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTGA AATGACTTGA 900
 TCGGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGCGGTT TTTGTTCTTC TTTGTGTCGT TTTCAATAT 960

EP 0 786 519 A2

CGCCTTTTTT CTCAGTTTTT TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT 1080
 ATTTTTGTGA TTTTTCATA TCTTTAATAC GTTGTATTTT ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT 1140
 5 GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT 1200
 CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTTCG CTTTTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT 1260
 CTCTAGCAAA CTTTTTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT 1320
 10 ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC 1380
 TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA 1440
 TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTTGATGACT TTTTCTTAT 1500
 15 CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAAtTTTACa TACCCtATGa TACATCAATA 1560
 TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTCAGA TGTtTTTAA AAgaAGaCCC 1620
 20 AATTAnAAAA A 1631

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6645 base pairs
 25 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT 60
 ATTCTTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTAAAGGAG TGTGCTGCAA 120
 35 CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA 180
 ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA 240
 TTATACTTTC TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA 300
 40 cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCctCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT 360
 AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT 420
 TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTCA GAAACAGTAA TTGTTCCATT 480
 45 AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT 540
 AGCGCCAACT TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA 600
 50 GTTATTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA 660
 AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTTATT 720

55

	TACATTAACT	GTCTTAGTTA	CTGCTTGCTT	AGGTGCTTGC	TTAACTACTA	CTTTTTTAGA	840
	TGCTTGTGT	ACAGGTTGTT	TTACTACCTT	TTTAGCTTGG	CTTGCTTTTC	TTACTGGTGA	900
5	TTTAACCGCT	TTAGTTTGTT	TCACTTTATT	TTGAGGCACA	AGTGAAATCA	CGTCACCAGG	960
	AAAAATTA	AAAGGTGTTACAC	CAGGATTGTA	TGAATATAAT	TGATTCAACG	TTAAGTGATG	1020
	CTCTAAAGCA	ATCTTATATA	ATGAATCGCC	AGCAACTACT	GTATAAGTTG	TCGGTGATTG	1080
10	CGTTTGTGCT	TGAACATTG	ATACATAATT	ATGTTGAACA	GGTGTTTT	CTTGTGTGCC	1140
	ATGTTGTTGT	GCATGTGCTG	CATTATTTAA	AGCTAAAAAA	GCTAACACTG	ACGAAACCGT	1200
	CACTGTAAGA	GATTTTTTCA	TCTTGCTGTC	ATTCCTTTGC	TGTTAGTATT	TTAAGTATGC	1260
15	AAATACTATA	GCACAATACA	TTTTGTCAAA	AGCTATTGTT	ATAACGATGT	AATCAAATGG	1320
	TTAACAATAT	AAAAAGAATA	CAACCTTTTA	TCATAGTGTA	AAATGTATT	CATACCATGTA	1380
20	ATTGAGAACG	TTTTCAATAA	TTAATTCAAT	ACCTTGAAAA	TCGCCATAGG	TAATATTACT	1440
	AAATGCACAC	TGCATATGTT	GTTTTAACAA	ACACAACCTT	TAAAAAATAT	ATTCTAACTC	1500
	TATCTACCGA	ATTGTACTTA	AATATTCATA	AACAAATCAT	ATTCCAAAAT	CTAATTTACA	1560
25	ATTTATTTAG	CTACCTTTAA	AAAAACCAA	AACCGACGCC	CTTTTAGAGC	CTCGGTTTTA	1620
	AAATATATAT	TAATCGTGCG	ACATTGTCTG	TCTTAAATAT	GATTGATAA	ATGGTCCAAT	1680
	GTCTCCATCC	ATCACTGCAT	CAACCTTACC	TGTTTCTTCG	TTCGTACGAT	GATCTTTCAC	1740
30	CATTGAGTAT	GGATGGAAAA	CATATGATCT	AATTTGGCTT	CCCCAGCCGA	TTTCTTTTTG	1800
	TTCGCCACGA	ATTTTCAGCCA	TTTCACGTGC	CTGCTCTTCC	AATTTTAATT	GATATAATTT	1860
	AGACTTTAAC	ATTTTCATAG	CTGCTTCACG	GTTTTTAATT	TGAGAACGTT	CATTTTGGTT	1920
35	ATTAACAAC	ATACCTGAGG	GGTGGTGGGT	AATTCGTATT	GCCGATTGAG	TTTTGTTAAT	1980
	ATGCTGACCA	CCTGCACCAG	AAGCTCTGAA	TGTATCAACT	GTAATATCAT	CCGGATTGAT	2040
	TTCAATCTCT	ATTTTCATCAT	TATTAAAAATC	TGGAATAACG	TCGCATGATG	CAAATGATGT	2100
40	ATGACGACGT	CCTGATGAAT	CAAATGGAGA	AATTCGTACT	AGTCGGTGTA	CACCTTTTTC	2160
	AGCTTTTAAA	TAACCATAAG	CATTATGCCC	TTTGATGAGC	AATGTTACAC	TTTTAATCCC	2220
	CGCTTCATCC	CCAGGTAGAT	AATCAACAGT	TTCAACTTTA	AAGCCTTTCT	TCTCACAATA	2280
45	ACGTTGATAC	ATTCTAAATA	GCATATTAGC	CCAATCTTGA	GACTCCGTGC	CACCTGCACC	2340
	AGGATGTAAC	TCTAGAATTG	CGTTATTGGC	ATCGTGAGGC	CCATCTAATA	ATAATTGCAA	2400
50	TTCGTATTCA	TCCACTTTAG	CCTTAAAAAT	AATGACCTCT	TGCTCTAAGT	CTTCTTTTCAT	2460
	TTCTTCATCA	AATTCTTCTT	GTAATAAAATC	CCAAGTAGCA	TCCATGTCAT	CTACTTCTGC	2520

	TTGCGCTTTC GTTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTTCCTT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCTT AATTTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTCGT TTGATTTCTG ATAATTCCAT AGCATTTCGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
10	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
15	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGCTTCGCT TCACCAAACCT CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTTGATC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATTT TGTGTGCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAAGT AAAATCATAC GCTCAAACCTC ATTCATTGT TCTTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACAG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATACTGTTT CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
	TCTTGATACC ATTTTGTGATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
40	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAITCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CCTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTACGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC	4320

55

	TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTACTGTCAT GTTATAAATA TTTCTAAATT CTTCTTCTTC	4440
	AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA	4500
5	TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCATT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT	4560
	AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC	4620
	GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG	4680
10	CGCACGTAAA GCTGTGTTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTTGTACAT CATATAAGTT	4740
	TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTTAAAT GTACAGCTTT	4800
	CGTTTTTTCA TCGTATTTAT AATCTTCGTC CTGTTTTAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC	4860
15	TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC	4920
	CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC	4980
20	TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT	5040
	AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTTT TCTTCTGTCTG TCTTACTGTT	5100
	TAAGTTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG	5160
25	AACACTTGAT AAGTATTCAT TGACTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT	5220
	TAAGTATGTT GGCATTGTCTG CTGTTAATGT TTTACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT	5280
	ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA	5340
30	TACACGTTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAAAATTT TATCTAAATA	5400
	ATCATTTTGC TTTTGTGACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT	5460
	ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAAATTGC CGTTTTTTCT TCTAAAGCGA TTACTTTATC	5520
35	AGCAAGTTTA CCTAAGTGT TAATTTCTTT ATTATTGCCA TCAAGAATTT TTGATAAAAA	5580
	TCCCATTTG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC	5640
	ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTTGTAG AATCAATATA AATATATTTA	5700
40	TGACATACTT CATTACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA	5760
	TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC	5820
	TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAACA	5880
45	TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCAACAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA	5940
	ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AAACCTAATT	6000
50	TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT	6060
	GTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTTGT	6120

55

ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTGCAATTC TTGTAATTCG 6240
 GCAACAAACA CTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300
 5 TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360
 TTTGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420
 GCTGAATTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTGTTGAC GTCATTAAAA 6480
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTTCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn 6600
 GGnAACTChT TATTATATTT AACATTTTTA CGCCAATCGT GCAAA 6645
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7430 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTTCACAG ACATCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAC AGATGATTG AATAAAGATC AACTAAAGGA 180
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATAACAACA AAAATAACAA 240
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360
 TAACAATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420
 AACAAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAAATCAA AATCACCAGT 600
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660
 45 AGCAACGTTA CCAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGCATGG 780
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGGCGGTAA 840
 TAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

EP 0 786 519 A2

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAAGA	1440
15	TAATGGATT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCanCAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
20	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAA AAGGCATTG	1740
	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
25	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAAC TAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAACCTGA TTTCGCCCAC CGCGTGTTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCATTT ATATGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTGAAT	2580
50	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

EP 0 786 519 A2

	TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA	3000
	ATAAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT	3060
10	TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG	3180
	GTGACTTTTT GGTAAATCAA GGTGTGCTAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA	3240
15	CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA AAGTAATTTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA	3360
	GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT	3420
20	TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCAGCTT TTTTGATTAC	3540
25	CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT	3600
	AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTTCACTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTCC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC	3780
	GAGGTTGTGA AAGTTTTCTT CCCCACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAAA	3900
35	GTAAATCCAT AACTTTCGTT TTGGAACTT ACCTTTTTTC TTGtAATATA AAAATTCTTT	3960
	CAAGGTTAAA AATTAGCAT CATGTGATT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA	4020
	TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT	4080
40	CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT	4200
	TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCAGGAT	4260
45	TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA	4380
50	GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG	4440
	AGTAGAACAA CTAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT	4500

55

EP 0 786 519 A2

TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTTAATG CTTTTGGAAA TCGGACAAGA ACTACTGCTG 4620
 CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT 4680
 5 TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG 4740
 TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGTCATAAAT GTATAGTCTA 4800
 AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA 4860
 10 TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC 4920
 TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCACC CGTTGCTTCC 4980
 AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA 5040
 15 TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AAAGTCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG 5100
 TATCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTTTTAAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA 5160
 TAGTATTGAC TCGCCAGCA AGTGTCTGAC TtCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTGCAT 5220
 20 ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG 5280
 TAACTGCACC AAGTTTGGGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT 5340
 25 GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC 5400
 CTTGATTGAG TCGGTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTTGTA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT 5460
 TATTTTCTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA 5520
 30 TAATAATTTC TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAATCG 5580
 TTTCACTTTC GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA 5640
 TGTCAGGCTT CTTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC 5700
 35 CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAAGTTA AAAAATTGCA 5760
 ATTCTTTTAC CTACCTTTTCG TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT 5820
 AATTTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTAAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT 5880
 40 CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA 5940
 TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACAACA CTTGATGATA 6000
 TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA 6060
 45 GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA 6120
 ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTG GAGTTTATTT 6180
 50 TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT 6240
 TTTCTGGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAGT AAAGAGATAG 6300

55

EP 0 786 519 A2

	TGCTGTTTCT	TGAAAGTTGG	TATTTGAAAG	CATCCTTTTC	GCAAAAATTT	GGAGCAGTGG	6420
	AAGAAAGTAA	AAGTCAATTC	AAAGATGAAG	TGTATTTCGCT	ACTAAATATA	TTTTTGAAGA	6480
5	AATAATTTTT	GTTACTAGTT	TGTAATAATT	AACTTACTTT	TGTAAAAAAA	GACATGAGAT	6540
	TATTTTTTTA	AATCTATATA	AAGTTGACAA	TACAAATCGA	TATTGAGAAT	ATTAAGATGT	6600
	ATATGAATTT	TATAAATTAA	ATGCAATACA	TTAATATAAA	TATCAATTGT	TGCAAAATAC	6660
10	GATTTGTTCA	ATGATTTGAT	AATATTATTC	TTTATATTTG	TGAATGGTTA	AGTTTGTCTT	6720
	TGAACATATT	ATAAAAGTGT	AATGTTCCCC	TGAAAAGAAT	AAGTTGTCAT	CTAATTACAG	6780
15	GAAATCCGCA	TAAATTAGAT	GAAATGGAAA	GTAATAAGTA	ATAATTTATT	GATAAGCGCC	6840
	TATGTGATGG	TAAATCATGA	CATAGCGCT	TTTTTTTATA	AGTTAAAAAT	GTAAATAAAA	6900
	ATTATATAAA	TTACCCACAT	CTTTTAAAAA	GGTGTGGGCT	TTATTATCAT	TAACCCAACT	6960
20	CACAGTGACG	GGTTACGCAA	GGTATTGAAT	TACCGAGTAC	GGGCACGCTC	GGTGTGTGTA	7020
	AGAGCAAATA	ATCAAGTAAT	GATGATGCTT	CTACTCGATT	ATAAGAAAGC	CATGATAGAG	7080
	TACGATGGTA	TCTAGTTTTA	TTATTAATAG	GTTTGGATAT	TTAAAGTTGG	ACAATATTAT	7140
25	ATCTTGTGCA	AAAATATAAA	TAAGTTATAC	ATAATGGTAG	AGAATCATGA	TATAATTTTA	7200
	AACGATAAAA	TATTTATATA	AATAATTAGA	GaAAATGTAG	TTGTGTATGT	yTTGTGGtCG	7260
	TTAAACTAGA	TATAATTGTC	CGATTTATAA	AACATACATA	ATGAATACaA	TGATTGATTA	7320
30	TGTGGAGGAA	ACCATGAmAG	AmAAGTTTgA	TTTAGTAAAA	CTATTAAATA	TTCTAAAGAA	7380
	GAATATTAAA	TTATTGCTTA	TTTACCAGGC	AATATGTCTT	GTAGTAAGTG		7430

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4082 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45	ATTGTTACTC	ATTATTTTTT	CATATTCACA	CAAATGATCT	TGTTTATATT	TAGCTAATTG	60
	ATTTTTATCT	AGCATTTTAT	CCTCCTGCTG	AGTTTGTAAC	CTTTAATAAT	TTATTTTCTA	120
50	TAAAAACTTA	GATTCCAGT	TGCTTATTAT	ATCATTGATG	AAAGGCTGAA	ATAAACATA	180
	AACTGTTCCG	ACCATTAACG	CTGTAGCTAA	AGATAAGTCT	ACAAGTCCAC	CTGTTTTTAA	240
	TTGAATCGGT	GTCTTCACAT	TAAACGGTAA	gGAKnAAAAT	AATTTACGCG	CTTTTGGTGT	300

55

EP 0 786 519 A2

	AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT	420
	AAAGGTTTCGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAAACTA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC	480
5	AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGAGTTG CTAGAATGAT	540
	AACCGTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG	600
	CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT	660
10	TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC	720
	AATTTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT	780
15	ACAAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAAG GATAATAATG	840
	AAGTGCGTAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAAATTCC TACAAGTGAA ATTAAAAATA	900
	TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA	960
20	TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA	1020
	TTATTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA	1080
	AaAATCATTG ATGGTGAGGG CTTCATGAAT GATTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT	1140
25	AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCCTTT TTCACATATA	1200
	TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTAATGATT GTTCTAATCA	1260
	AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC	1320
30	CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA	1380
	TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA	1440
35	TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTTGCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA	1500
	AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC	1560
	CAATACTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG	1620
40	ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC	1680
	CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CTTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT	1740
	CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG	1800
45	CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA	1860
	CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA	1920
	CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC	1980
50	CAACAGTTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG	2040
	TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT	2100
55		

EP 0 786 519 A2

	AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTTCGTA	2220
	AAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCTAA	2280
5	CGTTAAAAGC ATTGTTTCATT AGCCCGTCAG GTTTCATTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC	2400
	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT	2460
10	GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACATCT CTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAAATCAA	2580
15	TCCATTTCTC TATGTATTCTG TTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
	TTCCTTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
20	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTCAATTCTT	2820
	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGCACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
30	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
	GTTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TAAAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
35	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG	3300
	AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
	CTTATTACAG CTGTGATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
45	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAAACTTAT GAATATACTC	3720
50	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
	TTTTCACCCC TTAAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900

55

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080
 5 TT 4082

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1145 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60
 20 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTATAGAA GAAATGAAAC 120
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGCCTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGaGTATGA TAGAAATCGC 240
 25 CTTGTTTATT TTAAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CyTCGTATGA GTTCTTGATT 360
 GGCaCAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420
 30 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAAAATACC TGCAACTTTT 480
 GGTAAATTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540
 35 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660
 GACATATCTT TTTGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720
 40 TCAAATCCAG TAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTATCA 780
 AGTGTTTTTT TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900
 45 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTC TTGATTGTCC ACCTGTGTCT 960
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020
 50 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTTC TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAAC TA 1080
 TGTACAATAT ATACAATAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140
 TAATT 1145

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7075 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10 TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT 60
 TAGCAGCAGT TCTTAAATTT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT 120
 15 TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC 180
 GCACTTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG 240
 AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA 300
 20 GTAATayyyg TCCTTCCCGA TAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTCGAACT 360
 GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT 420
 AAtCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA 480
 25 TTTTTCATT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTTC TTTAAATCTT 540
 TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT 600
 CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC 660
 30 GGACTAAATC AAACCTCGTAA ACTGCATTCA TTA AAAAGAT TGTTCATCT GGAGCAAGTT 720
 GTCTAATTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA 780
 35 TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTaTTTTTA ACAACTGCCA 840
 TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTA AAATATTTTC TTATTTACAG 900
 ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA 960
 40 TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT 1020
 ACAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT 1080
 TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT 1140
 45 AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTTCCGACT ATTGATTGTA 1200
 GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT 1260
 TCTGCTATCT TGTGCATTTG ATTTTAAACG ATTGTTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA 1320
 50 ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA 1380
 TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT 1440

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTGC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTGCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
10	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
	ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTITAGTA TCTTGACTTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTGCAAGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTCAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
30	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTCATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTCGTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGAfCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
45	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
50	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTCATGTTC ACCGACAATC	3120
	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GCGTTTTTTC ATTTAATTCA	3180
	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

55

TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA 3360
 TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA 3420
 5 AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT 3480
 AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA 3540
 10 TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTGTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC 3600
 CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA 3660
 TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC 3720
 15 GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTTC 3780
 CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG 3840
 CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTGTGTTGAG 3900
 20 CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT 3960
 GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG 4020
 AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACTTCTT CTAAATACTC AAAATCATTC GTAGCATCTT 4080
 25 TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA 4140
 TGTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG 4200
 CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA 4260
 30 TAATTGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT 4320
 CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAACGTTTT 4380
 35 TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA 4440
 CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA 4500
 TATTAACCTT GTTATTTGTA AAAGGGGTG TAAGTGCaAC sCCAACACCC TCAAATAAAT 4560
 40 GTGTCATTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTTG TACAGCATTT 4620
 AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT 4680
 GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC 4740
 45 ATTGGATATT CATTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT 4800
 AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTTGTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA 4860
 TGACTATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTTAAGTC TGGCGCATTT 4920
 50 AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA 4980
 AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT 5040

55

EP 0 786 519 A2

	TGATATGTTG TATATGCCAC TCGTTTTTAAA CCATAAGCAT CTTGCAATAC TTTTAGAGGT	5160
	ACAACAGATT GAATCGTAGA GCAGTTTGGG TTGGCAATGA TACCTCTTGT AAATGTAGGT	5220
5	TCATTGACTT CCGGAACGAT TAAATCAATA TCTTCTGCCA TACGCCATTG ACTTGAATTG	5280
	TCTATAACGA TTGCACCAGC TTTTTTCAAAA AGTGGGGCAA AGTGTTTCGCT TGTACCGCCA	5340
10	CCAGCACTCA TTAATACATA ATCGAAATGT TCACTTGACG GAGCATCAGT TAATTCTTGA	5400
	ACTGTATATG TTTTTCCTTG AAATTCAACT TCTTGCCCTG CAGAACGTGC TGATGAAAAT	5460
	AATACTAATT CATCGAAAGG AATATTTTTA CGATTTAATG TCTCCAACAT TTTTGTACCT	5520
15	ACTAATCCTG TTGCACCCAC AACTGCTAAC TTTGTCATAA CTTGTCACTC CATTTTATAA	5580
	TAATTTCaA TTTTITAGAA ATTTTAACAA TCATTTTACC ATTAAATGTT AAATGCGTCA	5640
	TATAGTTTTT CTACCGCTTG TTGCCCATTG AAATCATCAA TGACGTATGA AATACTTATT	5700
20	TCAGATGTTG TTGTTTGSTA GAAAGGTATA TTATTTTCAA TTAATGTCAA AAATGCTTTT	5760
	GATGCCACAC CTGACATATC ACGCATGCCT GAGCCAATTA ATGAAATTTT GACATAATGC	5820
	TCATTGATTT TATAAGCTAA TGCTTCATAT TGATTCTTTA ATGTTTCAAG AATCATAGAA	5880
25	ATTTGATGAA AATCACTATC TTTAATCGTG AAGGATAGTT GTAGCCCATC CAAGTTGACG	5940
	ATTTGTGAAA TCATATCAAC ATTTACAGCA CCTTCTTCAA GTTCCGTAAA TAGTTGGGTA	6000
30	AGTAGCTGAT TGTCAGGTAG GGGATAACTA ATTGTTACAT GCATCATATG TTTATCCAAA	6060
	GCCACACCAG TAACTGCTTT TTTCTCTAAT ATTTCTTCAT TTGACATAAT CCATGTTCTT	6120
	TTCACGTTTCG ATAAAGTTTT TCCTAAATAT AAAGGGATAT TATAGTTTTT AGCTAATTCA	6180
35	ACACTTCTTG TTTCAAGTAC ACCAGCACCT AAAGCGCTCA TTTCCATCAT TTCTTCATAT	6240
	GAGACGATGT CTAGTCGTTT AGCCTTTGGT AAAAGTCTTG GGTCAAGTGC ATACACACCA	6300
	TCAACGTCGG TATAAATTTT ACAAGGTATT TGATTACTAA CAGCAAGTGC CACAGCGGTC	6360
40	GTATCAGAAC CACCTCTGCC TAAAGTTGTT AATTCCTGAT GTTCATTGAT GCCTTGAAAT	6420
	CCAGCAACTA CTAAAATATC GTTTTCTTGA AAGGCTTGTT CAAATGTTTG AGGATTAATT	6480
45	TGAGCAATTT TACTTTTTTAA ATGATGGCCA ATGGTTTTTAA TACCCGCTTG ATAGCCAGTC	6540
	ATTGCTTTGG CATTCAATAC GATATCATTT AATACCATTG ATAAATAAGA TACAGTTTGT	6600
	TGCTCTCCGG TTGTCAATAA TAATGCCAGT TCTTGTTGTT TTGGTGCTTT AGTCAAGGTT	6660
50	GATACATTCG TCATTAATTG ATCTGTTGTG TTACCCATAG CACTTACAAC GACAATTAAa	6720
	TTGTTTCTATCT TGATTGACTC GCTCCTTTAA CATTTTCAGCG ATCCTTTTTTA TTTTGTAAAA	6780
55	ATCACTGACG GATGATCCGC CAAATTTCAA CAACTTCTT GTTACCATAT AATCCTCCTA	6840

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAACT CTCAGCTCTT 6960
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATACTGCT ATTATAATTG CTTCCGCATC GCACCCTTTC 7020
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAa ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTACTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60
 20 TGAACCTGAT TGACTAGTAC TTTGTGATAA TGACTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120
 TGAATCACTT AATGATTCTG ATGTACTACC TGACTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180
 GGACATTGAT TTA CTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCACCTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGTACTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420
 30 GCTTGTTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGTCACTTAA 540
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600
 GCTTCCTGAT GTACTCATAC TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCCGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720
 40 GCTTAATGAT GTTGATTTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780
 CACTAAACTT GTGCTTGTTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900
 45 AGATACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACCT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTTGTTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080
 50 GATTGATATA GTACTTGATC CAATGTTTGT TGGTGATACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTG GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

EP 0 786 519 A2

	ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAAAGT TGTCGTGCGAT	1320
	TTGTTATTTG CTGGTCACT AGACACAACCT GTCACGTGTG ATTGACCAAT TTTTGTGGT	1380
5	GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCACTATCG TAACTTAATC CGCTTGGTAA TCCTGTAACT	1440
	GTATTTGTCA CAGTCCCAGT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT	1500
10	TTACCCACTT CTATGGTTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA	1560
	TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTCTGC ATTTTACAG TTTTATTGT ATCATTATAA	1620
	GTTGACGCAT ATGAACTATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT	1680
15	TGCTGaTTAT CGATTGTCAC GACTTGATCA ACATTTCTG AATATGTTTT TGGTGGAAATA	1740
	ATATCTTTAC CTGTTGTTAC ATCAACGTAT CTCACTTGTG TAnCAGCAGA CTCTGTATAT	1800
	TCGAATGTTT CAAATTGTAC TTGTTGTAAA TTTGTGCGCG CACCTGTTGA GGCTGTCATT	1860
20	GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT	1920
	GTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA	1980
	TCTTGGaACG TGTTATTTGT AGGTTGaACA TTTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA	2040
25	CTTGATGTAT ACGTTGTGCG AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA	2100
	CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT	2160
30	GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT	2220
	GCGGCACCGT TTAACCCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAAA ACCGATACCA	2280
	TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTACTTTTCC AGAAAAATGA	2340
35	AAACTCTTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTCCT AATGTAATAG CACCTTTTTG GCTGTATGCA	2400
	TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTGTGC	2460
	ATATATTGTT TTAAGTTATC TTTATTAACT GTAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC	2520
40	GTCgCTGctG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCGAAG TTTTACTGGT	2580
	GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTTG TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT	2640
	TGTGAAGTGT TATTTGATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAATTGG TTGTTCTGTA	2700
45	CTTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATTCCT TGAGGATGTT	2760
	GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTTGT TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG	2820
50	ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA	2880
	TTTtTCGTTA CACTTGTGGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTCGATTGT CGTTGAGTTT	2940
	TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC	3000
55		

EP 0 786 519 A2

	GTTTTAGTC	CGTATCCCGT	CATTTTTTTA	CTAATGCTTT	GATTATCTTG	ACTCACTAAA	3120
	CTATGACTAA	TAAATGGTAG	CCCCATAATT	TTGAACATTT	CTATTTCTTT	AATTCGGAT	3180
5	TTTACCCAAT	TTTTTCCAGA	TTTATAAAGT	CTTACTCTTG	TTTTTTCGTT	TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG	CTTCTGTCT	TTTACTCATG	TAATAACTCC	TTGTATTATC	TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA	ATATATGCCA	CTATTCAATT	TAATACAAC	CTTTTTTGAT	ACAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT	AAAATTTGTA	AAAATTCaTT	TTTATTCGTC	TAAATGTAAT	CGTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAT	TACTTTTTCT	CGTTTATGCG	TATAATCTTT	TTTTATATAA	ATTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT	GTTTAATCAT	TATAATTGTT	TCGTTTTTAA	AATAATTATT	GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA	TCCACCTTTT	ATTTATAAAT	AGTTAATTTA	CAACTAAACG	ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAAT	ACATCTTTAA	TATTAAAGTA	ATACCAATAT	TTTTTCAATA	AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG	TAATTCTAAA	AGATTCTTCT	TTAAAAATAT	AAATACCACG	ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT	CATTTATAAA	GCGAAAAAAT	GCATCGCTAC	TAAGTTGAAT	GTTTAGTAAG	3780
	GATGCATTGA	ATTCATAAA	ATGATTAAAT	TACTTATATC	TTTTCATCTG	ATTGATTATC	3840
25	GAAATTTCTT	CCTTCTAAAC	CTGCTAATC	TTCTTTAGAA	GCTGCAGGTG	CTTTCATTTT	3900
	AAATATCTCA	TTCACACTG	TGTAATCGTA	ATATCCTAAT	CTGGCAATAG	GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC	AATTTACCAT	TATCAAGAAT	AACCTTATCG	TCAATATGAA	CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA	ACAATATCTA	CGGTAGATAC	TGGATCTCCA	GTTGGAATAC	GAATCGTTTG	4080
	AACGTACTCA	CATTCAAAAT	GAAGTGGCGA	TTCTTTTACA	CGATATCCTG	GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTTTC	TTTGTTACAC	CTGCAAAATT	AAATTCATCC	TCTTCTGGTG	GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA	TTAACTGCTT	CTCTTAAATC	ATACGTTGCC	ATATTCCACA	CAAACCAACC	4260
	TGCTCTTTCA	GCATTTTTCA	CTGTATCTTT	ACGTTCTGTA	TCACCAAGAA	CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC	ATAACCATAG	GCGGATCCCA	AGTTAAGTTT	TGATACTGAC	TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT	TTCCCATCTT	TCGATACAGT	AGAGATCCAC	CCTATTGGAC	GTGGTACTGT	4440
	ACTACTTTTA	AATGGGTCGT	GCGGTAAACC	ATGACTTCTT	ACACCTTGTT	TTGGCGAATA	4500
45	ATTCATACTA	TCTTCACCCC	TTATAAGTAA	TTACATTTAA	GGTTACGCCC	TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT	ATAAATAAAC	AATTTATTTA	TAAGTAGAAA	CTATATATGA	CGTGGTTGCT	4620
	TATAATTTGC	GTTCTTGATT	CGAAAAATTC	AGATAAGGAT	TTATACAATT	AATATTTATG	4680
50	ATATCTTTTG	TAAATTTAAT	TAATTATAGT	TACTTCAATC	ATGATTAGTT	TATAATAATA	4740
	AAGTGAAATT	GAAAAAGACA	GCTATTATGC	GATGAGCGAA	AAACTTCAAG	TAAAACAAGA	4800
55							

5 TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920
 GTTACAATCT TTGATTAAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980
 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100
 10 AAGATGATGT TTCCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGCCCG TTTAAAATCG GGATACTAAT 5160
 GTATTTCCAT C 5171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3589 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

25 CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTAAATA 60
 GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180
 30 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240
 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGATTTCTTA GTATCCAAT TACTGTGATT 300
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360
 35 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420
 TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480
 TTCCATCCTG CCAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540
 40 GGATTCCTTT CTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCGAA TGATTGACG TGTGAAAAAA 660
 GGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTGTCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTCG 780
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTGTAT TAAATTTCAA 1020

55

EP 0 786 519 A2

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

ATTTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTCACT TGGTATATCG AAAGGTAAC 1140
 GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTGATTT AAAAAGTTAA 1200
 TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAAG 1260
 TTTGGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTTA CCAGTTTGAT 1320
 CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT 1380
 AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA 1440
 TACCACCAAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA 1500
 TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTcctG TCGGTTcACC ATCATCATTC GcNTTTTGAA 1560
 TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT 1620
 TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG 1680
 CAATGAATCT TGATTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA 1740
 TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCAATATA 1800
 CACTGAAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTTA CTGAAATATT 1860
 GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT 1920
 TCTACAAGTT ATCTGTCGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA 1980
 AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT 2040
 GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAACT 2100
 TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTTCGAA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA 2160
 GATGATTGTC CTTCACTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTCAGCA 2220
 CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA 2280
 TTATAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG 2340
 CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA 2400
 TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCAITA AACATTACGG GAAATTAATT 2460
 CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAAAAAG AAGTAACAGG TGTCATCAAA 2520
 CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG 2580
 TATGATTCCT CAGTACATTC CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT 2640
 CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA 2700
 TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTGGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT 2760
 CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA 2820

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTGA 3000
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAAC TCTGTCAGAG 3180
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAATC ACTTCCAGTT 3240
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAATGTT ATACCGAATT 3300
 15 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT AACTGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360
 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAACATA CGTCCATAGC 3420
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATT CGATGTCATT 3480
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATTT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTGTTATC 3540
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

35 TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAG TGGTGCgAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60
 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120
 AAATAAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTCAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360
 45 TTTAGTAACA GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420
 GGTTCATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAAC 480
 AAATATCGTG CTAACCGTA TGCCTGGCAC ATTTACAGCT GTTGCAAGTAA AAGCACCTGG 540
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

55

CAGCATTGAT GCACGTGTGA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840
 5 AgTAGGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960
 10 AAATGTTTAC CAAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1409 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAAT GGTCATTATC ATTTCAACTA 120
 25 TTTCCCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360
 AATTGATGGA TGGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420
 35 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480
 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTGGTT 540
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCCTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTCGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTTCAGAAA 780
 45 GATTAAATGC TATTTACAGT GAAACGTCAG GTATATTAAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTTAACCGTA 900
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAAAAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020
 TGTCAGATGA TATCAGGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACGAC 1080

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTTGAAAGCA 1200
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTGAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260
 5 ATAAAATCTT ATTAAAAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

20 AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGcng nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120
 25 CGAATAATGT CCGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGcNT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240
 TTAGAATTTG TAATACTTTT TTAAATTCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300
 30 TAGCCATTTG ACGATTCAAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTTCTT 480
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGAAAA 600
 40 TATCTTCTTk ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTTATTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660
 CTGAGTTTTT TCATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTGGAATG 780
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTTGG TTCATCTTGA CGATTGCTT 960
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020
 TTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAATGAGG	AtCTGTTGCA	ACAGTTAATT	GATTAATATC	ATTACTTTTA	ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC	TTTGACACCA	TCATTAATCA	AACTACTTGT	GTCTTGCGCA	ACTTG GTTAT	1260
5	CGTAATCTGT	TAAATTAATG	TGTTCTGCTA	ACGGTTTTTT	CAAATTATAT	TCATTTTTAT	1320
	AACGTTTTGC	TTCTTTGACA	ATTGCTTCGT	ATTTATTAGC	TCATCCTCA	TTTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA	GTCTTGTTTA	GACATGTTAT	AGATAAATGT	TGTATCTGTA	TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAATATC	ATCATGAAGT	TGTTTCTCTA	AGTTTTTCAGC	GAATTGAGCA	TTGTTTCATT	1500
	TAATGCTATT	TAGCGCATCT	TGTAAGTCTT	TGTTATTTGC	AAGCTCATCT	TGCAGTGATT	1560
	CTGTTAATTG	CTTACGATAn	TCTTCAATCA	TACCTTTTGA	AAATGGTGAC	TCTTG TGATT	1620
15	GAATGATTTT	TCTTAATTTA	TCTAAGTTTT	CTTTAACAGT	TTGTTTATAT	TCTTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG	CATACTTGAT	TGTTGATCAA	TTTGCGCTGC	CATCTGTTTT	AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC	AAGTTCCACG	CTATCTTTTT	GCGATTTATA	ATCTTGTAAC	ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT	GTGCTCGTCA	AATAATGAAT	TTTGTTTTTC	AATTAAAGTC	GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT	CACTCTGAAC	GTATCTGAAT	TCGCACTCAA	TAATGATTTA	TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATT	TGTAATGTCT	TTGTTTGCAG	AAATTGAATT	TACAAGCGTA	TCTGTAAATA	1980
	ATTCGGGAA	GTGTTAATT	GGATTTAATA	AGTAATTCGA	GAATTTACTA	TTACACCAT	2040
	GTTACGCGT	CATAATAGCG	CCAACATTTT	TTGTGTCATT	ATGTAAATTA	TCAATGATGC	2100
30	TTGTAAATA	AATTCGACT	AAGTTTTTGT	TAAAGTCGTT	AAGTACATTA	CTTACAACIT	2160
	TTTCTGTGTT	TTTAGCTACT	TCTTCTTTTT	GTCCTACAGC	TGTTTTATAC	TGTAGCGATA	2220
	TTTTCGATGG	TGTTTTAGCG	TCTAATTGCA	TTGCCAATTT	TGAAAAGTTT	TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC	TTGGTATCCA	CCATTTTTC	AACCAGACTC	AGCAACGTTT	CTTGTTACTG	2340
	TTTC ¹ AAATTT	ATAGTTTTTC	TCATTTGCTA	ACCTTTTAAT	AAATGCTTGA	CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC	GTTATATGTC	GTTGGTTGAT	CCTCGTTAAC	AATTGCGATA	TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTATT	ACTTACACTT	TGGGATCCTT	TTTCTGATTG	ATCTCCATAT	TTTGTTTGAA	2520
	CAAAAAATAT	CATACTAACT	ATGGCAATTA	TAATAATTAA	AGTGACAATT	AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT	CTTTTTCATG	CTTATTTTCT	TTCAGTTGTT	TTCTTAAAAA	AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT	TAGAAAATGT	GACTTTGCCA	ATTTCAGAAT	GCTTATTGCA	AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT	TGTTGGTCTT	GTTCTTGAAC	GGCATCAGCA	GTGCTATTCA	ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT	AATAATGTG	CAAATTTTTT	TACTTTAGGA	CTAAGTTGTT	GGAATTGCTC	2820
	TTCGAAACGG	CTGAAAGCTT	GACCTTCCCA	GTTGCTGCA	ATTTACCTt	GTGCACGkGT	2880

55

EP 0 786 519 A2

	TCTGATTTC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTT	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAAAT	ATTAGTATAT	GTATATAGT	TTTAAAGTAT	TTTtagCTT	TTTAAAAATA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTAAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TTAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACTCTTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
15	GAATAAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAAACAACAA	3420
	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTACACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
35	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGTATG	4200
40	TTATTTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAAAT	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTTGCTTAAA	4680
55							

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

```

ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA      60
TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT      120
AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCTTA TTTAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT      180
TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTSTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA      240
AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAAACAA GGAATGCTTA      300
CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTTAA AATGCTGGAC      360
AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCATATATT AATCATATCT TGTTCGAAG      420
CAGGCTTACG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA      480
TCGTAAATTT GTCACTTAAC TTTTACGAA CTTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT      540
CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTCACTCGC TTTTGTCTTA AATGGTGTG      600
TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT      660
CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG      720
ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA      780
TATAATCTGK TGA CTCTCCT CTTAACA CTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTTGTGTT      840
TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT      900
CTTGTGTAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTCATTG GGTTCAAAAT      960
AATGGACAAT TGTTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA     1020
ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT     1080
CGTGTAATTT GATATCGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC     1140
GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA     1200
TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTTGTA GCAACGACTA     1260
CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATCT GCGCTTCTTC TCTTCTTTA TTGCTCAAAC     1320
CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTCT GACTTCTTAA GGCTTCTGA AGCTCTTCAA     1380

```

CCAATATAAA TTTTGGACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500
 TAGTACTCGT TTTAATTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACCTG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740
 10 ATCGGTTTTT AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800
 CTTTTTCAAT ACGTTGTGTC TCTTTTGTAG TCAAACACT ATTTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860
 15 TTCCCATCGC TTTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTATTA 1920
 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGTA GcmTATAGAC yTACCTCCAC 1980
 CAGTtGGkAA GrCACCAAGC ACAT 2004

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2244 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTTTAAAA GATAGTGTAT 120
 GATTTTCTGG TGTGTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240
 CGTATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300
 40 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360
 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420
 AGAGATCGCG CTGATTTCTG GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480
 45 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540
 GCAAGTTTAA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600
 TGTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGGTTTAAAA 720
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAACA ATGCATAGAT AAAATTGTGA 780

55

ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTGGGA ATAATAGGAC 900
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960
 5 TTTTCAAACA TGTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020
 CAGCAAAGAA ACAAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTtag ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTCT 1260
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAACG AAGTTTATTT AATTTACAT GCATTATTAG 1320
 15 AAAGTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAAACAGGT GCAGAATATG 1440
 20 CTAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTCATTC 1500
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGAATCCAA 1560
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620
 25 TTATCGCTGA CTTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAA TACTTTGTGT 1680
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTGATAA GCTACGAGTT GTTTTATGA 1740
 CTCGGACATA CTAAAAGAC GCTTCTATC TTGTTTGGAT AGAAAGCGTC TTTTGCATT 1800
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAATCCCaCC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980
 35 GTTTTTTTAT CATTTCTGTC CcACTCTCAT CGTGATTGTA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040
 ATTTTCATCTC TTACACGTTG GAACTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100
 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160
 40 AATGTAACAA CTAAATTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1371 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60
 AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240
 TAAAAATTAT TGATAGAAGT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420
 15 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480
 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600
 20 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660
 AAATTCAAAT AATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTTAATA 900
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTCCT AATGTTTTTG 960
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080
 35 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140
 GTATAAAAGG ATTTAAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6035 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

55

EP 0 786 519 A2

	CGTAAAcCTA TCGGTTTTAA TATTCTGAAG TTA CTCTAGTT CATCCTCAGT TTCATCCATT	120
	TGTTTAATAT AAATAATACA TCCAGCTGCT ACTAAAAATG CTAATCCTAA AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA GAATACCGTT AGTAGCATcG ACCTCTTTTT TCATTTTCATC ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC CAAACTGTTT TGCAATTGCT TGAGCTTTTT CCTTTTGTGA TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC CATAAAAAGT ATGAACGTTA TTTTGTGTTT TCAACTGCTG ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT CGATGACAGG TGAGTTGAAG CTTAGATTTA AAGGATAAAC CTTACCTTTG	420
	TCTTCTGTG TAcACGGAAA GTTTCATTCT TAGTACCTTT TACTACTAAA TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT AATAATGTTA GGCAGCGATT TTGTATTTGT AATGATGGCA TTGTTGCCTG	540
15	TtAACTTGTT ATTTGCACCT AAAATAGAAT TCGTGCGACC TGAATCACTA CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC CTGATCATTa ACATTATCTA CAGTAATAGT TTCGTAAGCA TTTTtagAAA	660
20	ATGTAATTTG TTGTTGGCTT AGTTTAGTTT CAAATtGTTT AGCATCTTGA GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC ATTTGGTGCC ATAGATGTAA GGGTTTGATC TGtATTTGAT TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA CAATACAGTT ACTGTAActG CAGAAATAAT TGCAATGATA GTTAAAGACA	840
25	TGGCAtTTTT CTTCATTCTG TACATAATAG ACGATGTGAA TACAACATCG GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT TTTTGATTTT TTCAATGTTT TAAAAATAAG TGACACGGAA CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC GCCTACAACC GTTAAAAATA AAATGATAAA CGGTGATGTC ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT GAACGTACCA AACATTTCTG TCGCCATATA ATAGCCTAGT GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA TACGCCTGAA ATAACCTCTG CAGTCGTTAC TTTAGCAGTT GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA ATCTTTTCATC ATTGATAAGA TACTACGTCT TTTTAGAAAT AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT CAGTACATAC GCAATAATTA GCATGAAAAT AGTTAAAACA AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG TATCGATAAG TTAATCGATA ACGACATCAa TTTAGATACT ATGGAAAGCA	1320
	ATAaTTGTGC ACCTGCAATG CCACATAATA CACCGACAAC ACCTGTGATT AAAAATACGA	1380
40	TCATTtGTTc AAGTGCTAAC ATTTnCAAAA TGTTTTGTcG TGTTAAACCA ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA TTCACGTGTA CGGCGTTTTA CGrmTAAATG ATTGGCATAc ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT GATAAATAAA AATATTGATC CGACTAAAGC ACCTTTCTTA ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC ATTATTTACA CCTTTAGTAA ACTGTAAGGT TGTAaaCTG AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA AAATAATGAA AATAAATACA TTGCATAATG TTTTAAGTTT TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC GATATGGTTA AATGTCATTT GAGACACCAC CTAATACTGA TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT CATAAAAGGC CTGTTTAGAA CGTCCTTCCT GATAAAGTTG TGTATGAATT	1800

55

EP 0 786 519 A2

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCGTGA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAG TTTATTAAGC TCTGTCCGT TAGCAATCCg CTACCGCTAG	2280
	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
15	CCATAATCGC AACGAATTCG CCTTTTTGTA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTgCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTTtTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAArcTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTTA TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTG AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTTCACT GATTTTTTAAT	3120
40	TTATTAGGTA TTGTTTTCCG TGTCATTTA TTATTTAATC CATTAATGGG TATCGTCTTT	3180
	ATTTCGACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
45	CCTTTTTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCTT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCTGA	3600

55

EP 0 786 519 A2

	AATGATCATT	TTCGAATTTT	TGAACATAGA	AAATATCCTT	GTCTTCGTTG	TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT	ACCACTGATA	TCAGTAATTG	GTTGTGTATG	CTCAGATGAA	GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG	AGGTAAGTCT	CCAAAGCCAA	CATCAGTTAC	ATAGAATACA	TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG	TGAAGCATGT	GAACCGTTCA	GACTACGACC	GCCACCGGGW	GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT	TAATTCAGGA	TTAAATCCTT	TTTGTGTGAA	ATAGGCTTTG	AAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA	ACAAAAACCA	CCACGTTTAT	CATGAACAAT	TTTATTAAAA	AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA	TATCGGCTTA	CTATTTTGAA	CATCAATATT	TTCAAAAGGT	ACAGTTAACA	4080
	TAAACGTGT	TGCATAATAA	TTTAATGCTT	CAATACTCGG	TCGATTATAA	CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA	ATAATTCTCT	AACTTCGCAA	TATTCATAAG	CATAGCGCCT	CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT	TAAATTTTAA	ACAGAAATAC	TGAAATTTTA	AATTCGAAAG	CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA	CATTTTAAAT	AGAAAAATAC	GCTCTCAAAA	TGAAGTCATC	TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA	GATGACTACT	GAGAGCGTAG	CATAATGGAA	GAAGTGTGCA	GGGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA	ATACAAAGGT	AGTTGCAAGA	CAAGTTGCCT	TATCTAGACC	ATTTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA	AACTTCCAAA	TTAAACTTGA	AATAAGCCAA	GTAATTAAAA	ATAATGCAAC	4500
	TAAAATATAG	CCTAAATAAT	CAAATTCGAT	CGAACCAATG	AATGCCCAAA	ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC	TTATCAGCAA	GAATTTGTAG	CAATTCAATC	ATCCCAATCA	CTAATGTCTG	4620
30	CATGACTGAT	ATCGCAGTAA	TCGTTATATT	GTAATAGATT	TTGCGAATAG	GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA	TAGGCATACT	TCATTACAAC	ACCATCTAAT	GTATCCAATA	AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT	AAAATTGGTA	AAGATAAGAT	TCCGATAAAT	GAAATGGCTT	GTTGTGATGC	4800
35	GCCTGAAGAA	AGAGCGAGTA	ACGCAATTTT	ACTAGCTGTA	TCAAAACCAA	GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT	GGCAATACGT	GCCAACTACG	CGTGATTAAT	TTGAAATAAG	GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC	AATCCTCTAG	ATTCAAGTAA	TGCATCGACT	TCAGCTTCTT	CAATGTGTTC	4980
	ACGACGTAAT	TTAGCGAACA	AGTTAATTAA	AGAGATTAAA	ATAATTAGAT	TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT	AAAAAGAAAC	CTGAACTAG	TGTACCAATC	GTTCCACCAA	TATCTTGGA	5100
45	ATGCGGTAAT	TCATCTTTAG	CCCATTTTAC	AGATACCCCT	AAAAAACAG	CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT	GAATGTCCAA	TTGAAAAATA	GAAACCCACA	CCAGATGGAT	CTTTGCCTTG	5220
	CTGTAATAAT	TTGCGAACCG	TATTATCTAT	TGCAGCAATG	TGATCTGCAT	CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT	AATGTATATG	CAAGAAATCCC	CaTACCAAAT	AAGATATGAT	GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT	AAAAAACTAA	ACCCAATAAC	GTGTAACAAA	ATGACAATAG	CTATGTATGG	5400

55

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTCA TATAACAAAA 5520
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTTACcAGTT 5700
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880
 15 AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940
 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAAGCT TGTTc 6035

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1039 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60
 TTCACTTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTtagA ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300
 40 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360
 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACCTTGTT 420
 AAAATAAACC ATCAAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480
 45 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540
 ATAACTTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTCACCCTC 660
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG 720
 AAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

55

CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAATGT TTATTATCAT AATTCGATTT 900
 TGATTCGCCA TGTCTAACTA AATAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT 960
 5 ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA 1020
 AAAGAATTAA TTCATATnT 1039

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1496 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

20 GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG 60
 ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA 120
 ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT 180
 25 TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATAmCAAC 240
 AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA 300
 CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT 360
 30 TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAACCTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT 420
 TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA 480
 TGGGGGCTTT TCAATGTCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC 540
 35 ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA 600
 TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAAATCGA ACTGAAGTAT 660
 ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG 720
 40 CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG 780
 CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCATTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC 840
 45 AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA 900
 CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA 960
 CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG 1020
 50 TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT 1080
 TATCACTATT AAATCTTCTT GGTCTGGAA TTACTGaTAT TACAGTAGTA AATAGAACAA 1140

EP 0 786 519 A2

	TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA	1260
	TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT	1320
5	TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT	1380
	TTAATTATGA TGTGTATGAC TTAAGAGGTT TAGTTGATGC AAATTACGT GAGCGACAAT	1440
	TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG	1496

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4826 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

20	CTTGATTTTT TCCCTTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG	60
	GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA	120
25	AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA	180
	ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC	240
	CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAAAT ACATATGGGA	300
30	AATAAATTTT ATGAATACCA CCTAAGAAGT GGATAATTC AGCACCATAT GACGTTGCTT	360
	TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT	420
	TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG	480
35	GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAAAAATAC AATTTTGTCA GGCTCTACTA	540
	AAATACTTAC AAGTGGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA	600
	TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA	660
40	ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTC AAAACCTTGC GCGGTTCTAG	720
	GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG	780
45	CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG	840
	CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG	900
	GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC	960
50	CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA	1020
	TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACACG ACGACCAATT CCTTTTTTCT	1080

EP 0 786 519 A2

	GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAATA AATGTGACAA	1200
	AATTAAATAA AGTGTCAATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA	1260
5	ATTGTTTTAG GATTTTAAAT ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT	1320
	GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA	1380
10	AATAAATATT TGTATTTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA	1440
	TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA	1500
	TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGGT GACTTAATGG ACAAAGTTAA	1560
15	TAAGATCGCC AGAAATTGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT	1620
	TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT	1680
	TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT	1740
20	ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGAATTGTT GGTATATTG	1800
	GCTATGATAA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT	1860
	ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG	1920
25	GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA	1980
	TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAACTCT CATCCACATC	2040
	AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT	2100
30	TAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTTCTA AACAGATACA GAAGTTATCG	2160
	TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG	2220
35	TTGTGTCATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA	2280
	CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTTGCTGAA GGTTCATG	2340
	TTATGTCATC AGACGCCTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG	2400
40	ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG	2460
	TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT	2520
	ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC	2580
45	AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAACCTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA	2640
	AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG	2700
	GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT	2760
50	TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG	2820
	GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT	2880

55

EP 0 786 519 A2

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCCTAG AAACAACACG CAATGCATTG TTTATCGGAC	3180
	GTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGCAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTC ATGTACATGA ATTGTTAACG CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTCATACT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
20	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTTAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTTCG TAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAAGGAAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
45	ATTCATATCC AACGCTTGCG ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4846 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAATTACT CGCCTTGTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCCTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCCTTTACC 120
TTCGTTTTCT AAATTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTTAA CATTACCTTT 180
TGCTTGTTC AATTTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTAATTAAAT AATTTTTGAT 300
ATTGATTTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACTT GAGGGAGTGG 360
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCAGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480
GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540
CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600
TTAATGAAGT CTTGAATATC TTTAGATTGT AATACTTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660
TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGTG CGATTGCAA GTTCGAATTA 780
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840
TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTATTTC TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900
ATTTTACGC CTTTTTGTG TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960
CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140
GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTAA 1200
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

EP 0 786 519 A2

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTTCTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
20	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTTCAT TTATAATTTC ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTGGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTTAA AGATGTTTCG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTCACAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTC	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCCTAA TTTTtagTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTcATCTG TTGTTTGCGG ATCAAGTGCA CTTGTTGCCT CATCACAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCAA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
45	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCAA TTTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAACA	2820
	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTGT	2880
	CTCTTAATCC ATTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

EP 0 786 519 A2

	TTCCTCCCTG TGTGCTTAA TAAAATAAAA AATGCTTTCT CAATATCGAT AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT AGTAGTATTG TTTCTCTCAT CTTCAAAAGT TAAAACTTTA TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTTCT ATATAAGACG GTTGCCGGGC TTCGTAGGGC ACATCCCTCC ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT ACGCATCATT TAATTTGTAT TAATCCTAAC ACCTTAGTAA AATTTCTGTC	3360
	ATAACTATTT TAAATTTTCT AACAAATCAG TCACCGATTT AAATGCATAA ATTCGTTTTA	3420
10	CTTCTTTATC TTTATTCATC AACAAATAAAA TCGGCGTAGA CATGATTTGC ATATCTTTAC	3480
	AAAACGAGG ATAAAAGTTT AAATCTATTT TCAATAATGG TAACTGCAAT ATTTTCATTAG	3540
15	CAATGTCTAA CATTCTTTCT GaAACCTTAC AAGTACCACA CGTTGGTGTA TAACCAAAGA	3600
	TTAAATGTTT GTCTTCCTCA TAAATGTAG TTACATCTTT GATGTCTAAT GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA CTAACCTTTC ATTATTTATA TTCGGTAAAA GAGGTGTTTC TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT GTTTTGAAAG TACATGCGCC AAATATTGTT TGGGGCAATT CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT TATCAATAAA TATATGTTCA CTTTCACTCA AATAACGTTT AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT CTCCTTCGTC ATCAGAATCG GCTAATACAA AAATTTGTTT ATCATAACGT	3900
25	GATTCTATCA TATCATCAAG CTTATCTATA CTCATTGTTC CATGAGTACA AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG CAATAACCTG TTGCACCCTT TTTTATCAG ATTTTCCTTC AACCAATTATC	4020
	ACTTTATTTA CAATAGCCAT CATCATCACC CTTTAAATC AATAAACATC TGTCACGTGA	4080
30	TCATTTTACA AAATTGGTAT GAATAAAACA TAAATCACAA AAAATTTAAA CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA CAAACTCAAT GTTTGACTAG CTGGAACATT TAACATAAGC AGACAAAGGC	4200
	TAAGTCAAAA ATCAACATCC TAAAATCTAC AATGTTATAT TAACAATAGT TAACCAAAG	4260
35	AAAATACACC TATAACAAAC TTTTCAATTA TAGCGGGGCC CCAACACAGA AGCTGATGGT	4320
	AAGT ⁶ AGCTT ACAATAATGT GCAAGTTGGC GGGGCCCCAA CATAAAGAAA TACTTTTCT	4380
40	TTAGAAATTA GTATTTCTTA TGCATGAGTT TTA ⁶ CTCATGT ATTCCTATTT TTAAATACAC	4440
	ATTAGCTGTG GCTTATGAAA ACAGGCTGGG ACATAAATCA ATGTTCTATG CTCTACGAAG	4500
	TTATATTGGC AGTAGTTGAC TGAACGAAAA TGCGCTTGTA ACAAGCTTTT TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC CCAACACAGA GAATTTTCGAA AAGAAATTCT ACAGGCAATG CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA ACAAGAGAA ATTGGATTCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA ATAAATTTTG CGAAAATATC ATTTATGTCC CACTCCCTAG ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA CTTATTAAAG TAATATAITTT TTATGATTCT CTTAGCTGCA ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT CATCAA ⁶ CTT CATAGCCTCA AGGTCAGTAG ATTTCA	4846

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1843 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

5	AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG	60
	GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT	120
10	AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCGTGG ATGAAGGCTC TTTTGATATT	180
	ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT	240
	TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG	300
15	GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA	360
	AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA	420
20	TCAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTTA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA	480
	TATTTAACTA ATGGTGAAT CCTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA	540
25	ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA	600
	GGTTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT	660
30	GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAATAAT TTTTAAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT	720
	ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT	780
35	TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT	840
	TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC	900
	CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT	960
40	ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT	1020
	CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA	1080
45	AGAGAAGGAC AAAAAAGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT	1140
	GGAGwAATTA TTAGTAAAGG TGAyCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAATGAA	1200
	TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG	1260
50	TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA	1320
	GGAGyGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC	1380
55	TCGATTGTAG AAAAAGAAGA rATTCCATTc rAGAAAGAAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA	1440

EP 0 786 519 A2

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620
 5 CATCGAGACG AATTTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740
 AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA 1800
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 8536 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCA AATTATACTG 180
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240
 30 CAACTTTTCA TATAAACAGA AGATACTAGG GGGAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360
 35 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420
 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCAAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTG GCAAAGTAAA 540
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA 600
 ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCGCCAT 660
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC 780
 GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840
 CCATCGTTAT TTACACGTTT TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA 1020

55

EP 0 786 519 A2

	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGACT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCGG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTAA GCTCATAATT	1200
5	TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGACT	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTAA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTACCAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTTGTA TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG	1500
	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGGTT TGGGAAAATT	1560
15	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCCC ACACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTG	1740
	ACTTTAAAT CCTCCTCTG CTTAACCTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCAATA TATTTCACTA TAAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTTGTAG GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA	2160
	CGCTTTTTGA GCTTCTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTATC	2220
35	CAAGTCTTTG TCATTAACTG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTTGA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTTG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTTGGAATGA CAACCTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT	2640
	TCCTTTATGC GCCTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTTGGAATG CATTCAATC	2700
50	AATATCACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
	CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTTAACCTTC TCCCAAGCCT TAGTGTCAAT	2820

55

EP 0 786 519 A2

	AAGTGCTACG ATAAC TAACC CAATCAATCT TTTCAATCTA TCAATTCCTT TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT CATTAAATGTC TACGTATGAA TCTAGCTAGA ACATTCCCTA GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA ATAATGACTA ATACAATAAC GGTAATAATA ATGACCGTCG TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA TACACTAAAG CTAAGTCTCC TATACCACCA CCGCCAACAG CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT CCAATAAGTC CAATAATCGC AGTGGAATTT GCTAATACTA ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA ATTAAAAAAT ATCTAATGAT TTGTAGTGGT GAAGCGCCCA TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA ATCCCCTCGT CTACTTCCAA TAATGAGTTT TCAACAAGTC TTGCAATGTA	3300
15	AGGTGCCACA TATACTGTTA AAGGCACGAT GGCAGCAGTC GTACCAATTG AAGTACCTAC	3360
	TACTAATTTT GTGAATGGCA CAATCGCAAT TAACAAAATA ATAAATGGTA GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT AAAGGATTTA AAAGTTGATG TATCACTATA TTGGGCCATA TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT ACCAATAAGA CACCTAATGG AATACCAATC ACTGCTCCTA AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC ATATATAGCG TTTCTGTACA TGCTTGTAAT AACTGTGCAC TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC ATATGTTAAT GcACCTCCTC AAATTGAATA TTTTCTCTT TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC GTGTCTTCAA ATTGTTGATC CATATTAAAT CGAAGCCACA TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT TGTATTTCTG ACATAGATGA AAATAAAATT TTAACCTCTC TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG TCATTTATAA TCGGTTGTGT CACCTGAGTT TCCTCGACGA AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA TCGCCAACCT GTTCGTCAAT CAATCGACGA ATCAATGATG TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA ACTGTAGACA CAAAATTTTG AGCAATCGTC GTTTTAGGAT GACTAAACAC	3960
35	CTCTTTAAcA GTTCCTGTTT CAACCACTTT CCCCTTTTCC ATTACAGCAA CACGATTACA	4020
	AATGTCTTTA ATAACGCGCA TTTCAATGTT AATCATCATA ATTGTAATGC CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC TTTAATAACG TCAATATCGA AGCAGTCGTT GCTGGATCCA ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG CATAGGAGTA TTTTCGGATT AGTAACAAGC GCTCTTGCAA TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC CCACCAGATA ATTCATCAGG AAATTGGTCT TTTTATCAC TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC ATTTCCGTTA CTCGTTGCTT AATTTCTGTT TTGCTTTTCT TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT GCTACATTTT TAAATACGGT AGCTGAATTT AATAAATTGA AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG ATATCTTTCT TAATATCCCT CATCATTTTA TCGCTATAAT TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT ACAATCACTT GTCCATTCGA GGCAGCTTCA AGATGATTCA CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT TTTCTGCAC CACTATATCC AATCACACCA AAAATATCAT TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT ACGTCCTTCA AAGCATCTAT TTTTGTCTC TTTTATTAA AGGTCTTACT	4620

55

EP 0 786 519 A2

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTcAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGCTGT TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTTGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAG TACTTTTGTC	5760
	AATGCGCGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
35	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTTCTA ATGTGCGAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT TGTTCAATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGaAGA ACTGCCTACT AACAAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACTTTTG ACATTTTCGAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420

55

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCTTG AACTTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCTT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATTGTTCAA GCTTGGCATA	6900
15	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACCAGTA CTAAATTTTC AATTCCAAAC	7140
	AAAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAATAAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTTGTAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAATCGT TCCCGCACCG AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
35	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
	TGTGCCTAGA TGCATTTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTTACA CCTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTTAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4328 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGtKGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAA 120
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540
 TTTATAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTTGA TGCTGTTTAA 600
 40 AGTTATCTTC GCGATTGTTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAAATGTGG 660
 CATTTTAAA TTCTGAAACA CTGTTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780
 45 TTTCTTTTGG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960
 50 TACCATCAAT ACCATTGCGA CCACGATTG CATAGACATC TATATTTTAA TTCAATAACA 1020
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080

EP 0 786 519 A2

	TAATTTCTTT ACGCCCTTTT TTCTCTAAGC ATTGCCATTT TTCTAACCAA CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT GTCTTCATT AATGACCTAA AGAAATCATT CGCAGAAATC TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC TATCGGAAAG ACATCAATCT TATCATTGTT TTGCACTAAT ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT CTTTAACCAT TGATTTAACT TTTTAGAAAT CACTGGTTTC CCAACACGAA	1380
10	TTACGAAATC CACATTTAAG TCTAAGCCGC TTCTAAACAG CAAATCATAT GTACAGATAA	1440
	CATTCGGATG ATCAAATTTT CTAAATGAC TTAAAGGATC AGCTAAAATA GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA ATACGTTAGT ATTTGaTCAA CTTCTTGGTG CTGCATATCC CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT TTTCTTATTT AAAATGTGTC TTAATGCCGA TGCATCTATA CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA AATCTTCATC TCAGAAGTTA ACAATTCTGT TGCATTCAAA TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT AAATGGCAAG TAAAATGAA TTGGCCCTTT ATGTGGTCCA TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT TTGCATTTGA TAGTAAATTG CATCAATGGT CTCTTTACTA TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC GAACTCATAA CTTACATAAT TATTAAACAT ATTTACTTGA TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC TACACTTCTT AATTCAATGC GACGGTCACT TGTTAAAACG ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT TTGGCTTTCA GCAATTGCAG GCGTATAATT CGCTGCTGCT GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT AGCGACAGGT CTTTCACTGC CTTTAATTAA CCCAACTGCA AAAAACGCTG	2040
30	CACTTCGCTC ATCGGGGTGT ATCCATGTTT TAATATTTGG ATGTGCTTCA AATGCAAGTG	2100
	CAAGTGGCGT TGAGCGTGAT CCCGGACTGA TAACTACTTC CCTTACGCCG TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC AAATGTAAAA ACTTGCTTCG TTAAAGCTGC TTTATGATTT CCCATTCATA	2220
35	TCGACTCCTA ATGCATTCAT CATAGGTGTG AACTTAAGGT TCGTTTCTGC CAATTCACTA	2280
	TCTGGATCAG AATCTTTAAC AATGCCACAC CCAGCAAATA AAGTTGCTTG TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG AACGAATTGC AACAATAAAT TCACAATCAT CGTATATATC TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC CATATAATCC TCGCGTACCA AATTCTTTCT GCTCAATAAA ATCCATTGCA	2460
	AATTCTTTTG GATAGCCACC TAAAGCAGGT GTTGATGTA AATTATCAAT TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT CCTTCAGTGG CGCCTTTATT TCAGTGACA AGTGATATAA ATGATCATTT	2580
45	TTTAGAATTT TAGGCGTCTT ATCATAATGT AATTCAGTGA TATAAGGTTT AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT CAACAACAAA TCGATGTTTG ATTAAGTTTT TATTATCTTT TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT TTGTATCTTC GTCCTCATCT TGTGAACGTT TAATTGTACC TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA GTATTTTATT ATTGACCTTT ATTAATTGTT CAGGTGTTTG TGAAAAGAAT	2820
55	ATAGAATCTT GTGATTCTAA CAAGAATATA TAACTGTTTT TTTCTTTAGA ATATGCTTGC	2880

EP 0 786 519 A2

ACAATTTTT CTTCATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120
 TTAACGTAT AAGTTAAAAA TGTCCTTA TTATCAGTTG AAATTAAAAC TTCAGGTAAT 3180
 ACAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240
 10 AACCTCCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300
 TGTTTAAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTGAAT 3360
 AATTGAATTG CTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAG 3420
 15 CGATCTCTG CCTCATTGTC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGAT 3480
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540
 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTC ACTTCTTTCT TCGTCTTTT TCACTCATT 3600
 TTATATTGTA TCATTTTGG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAACTT ATCTTGCAAT 3660
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAA TATCTTTGTT ATAAAAATA 3720
 25 TGATTTAAAG AGGTTTGTG TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840
 GGTACAGCAG CATCTAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960
 TACTATGATT ATAAAAAAG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020
 GTTCGCAACG GATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTTCCCTAT TTCATGGACG 4200
 CCTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260
 40 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTTGGT TAAGTGATACC TATAGTAATC 4320
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

	GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT	60
	TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTCG AGGTTTTnAT	120
5	ATTTTTATT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG	180
	CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC	240
10	TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT	300
	ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT	360
	TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT	420
15	TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAAC ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT	480
	TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA	540
	ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC	600
20	TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACTTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT	660
	TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGAAGATAA	720
	TGCAAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA	780
25	ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT	840
	CGAATTCAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT	900
30	TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA	960
	TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTCATG GTGGCTTAAC	1020
	GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TtaGAATTCC aATACGTTAT	1080
35	TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT	1140
	TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAACTG GTCGTGGGAA	1200
	TTATrrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT	1260
40	AGAAGATCGC GGTTTTGTAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT	1320
	TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTTAA CTAATCAAGT	1380
	GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT	1440
45	TAAACAAGAA	1450

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1139 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786.519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

	AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC	60
5	GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG	120
	AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC	180
	TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG	240
10	AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA	300
	GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA	360
	TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGAAGCAA GATTTTCGATG	420
15	AAATTGTAGA TTATTGTCGA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA	480
	TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA	540
20	TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG	600
	TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA	660
	ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA	720
25	AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG	780
	CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA	840
	TGGGGaATGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG	900
30	AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAAATAA GCCTTAACAC	960
	ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA	1020
35	GTTATACTAT GGAGGATTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG	1080
	AGTAAATGTA TATTTttTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT	1139

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 2931 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

	TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTTATAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT	60
50	GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTCT AGTTGATTTT	120
	AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TTAAATCAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA	180

55

EP 0 786 519 A2

	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTC AAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTGTGA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACC AAATCA GTTTGAAITTT ACTTGAAAGT GAATTAAAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCA AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TGCGACATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTCG AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTGTCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTC	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagCTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TGCATATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

GCCGGATTCT CCTGGTGTGC CTGAAGGTAT TGCTAAAAAT ACAATTACAG TTCCATACAA 2100
 TGATTTAGAT GCACTTAAAA TCGCTTTCGA AAAATTTGGA AACGATATTG CTGGTGTAAT 2160
 5 CGTAGAACCT GTTGCTGGTA ATATGGGTGT CGTACCGCCG ATTGAAGGTT TTTTACAGGG 2220
 ATTAAGAGAT ATTACGACTG AATACGGCGC ATTGCTAATT TTCGATGAAG TAATGACTGG 2280
 TTTTACAGTC GGTATCATT GTGCACAAGG TTACTTTGGT GTGACACCAG ATTAACTTG 2340
 10 CTTAGGAAAA GTTATCGGTG GAGGACTACC TGTAGGTGCA TTTGGTGGTA AAAAAGAAAT 2400
 CATGGATCAT ATAGCACCAT TAGGAAATAT TTATCAAGCG GGTACGTTAT CAGGAAATCC 2460
 15 TCTTGCAATG ACAAGTGGTT ATGAAACGTT AAGCCAATTA ACGCCAGAGA CATATGAGTA 2520
 TTTTAATATG TTAGGCGATA TACTTGAAGA CGGTTTAAAA CGTGTATTTG CTAAACACAA 2580
 TGTACCAATA ACTGTAAATA GAGCAGGTTT AATGATTGGT TATTTCTTAA ATGAAGGACC 2640
 20 TGTAATAAT TTTGAACAAG CGAATAAAG TGATTTGAAA TTATTTGCAG AAATGTATCG 2700
 AGAAATGGCA AAAGAAGGTG TGTTTTTACC ACCATCTCAA TTGAAGGTA CATTCTTATC 2760
 TACGGCACAC ACGAAAGAAG ATATTGAAAA AACGATTCAA GCATTTGATA CGGCTTTAAG 2820
 25 TCGTATTGTA AAATAATAT ACGGACAAAT TGAGAGCCTG AACTTTGTTC AGGCTCnTTT 2880
 TAAATGTATA TAAGGCATGG GCGGCGACTT GATAGTGAAA GTCCACTACT A 2931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40 AATTATGAAT GCATTACCAG TATTATTACA AAAGAACAAT TAAAAATGTT TGTTTATGAT 60
 TATGATACGC ATCTCATTAA AAATGTAAaTG GTTGCAGCAG ACGTGTATAA GGCAAATGAT 120
 ATTCAAGGAC ATGAACCATT AATCGTTAAC CTTCAAACGA TTGATGAAAC ATTACATCGT 180
 45 TTACCTATGC ATAATAGAAA AGACATGATG GTTAATGGCG GTGTACTTAT GGCACATTTA 240
 AATGCCAAAA GTGGTCCGTG GTTAAAGAT GTGCTAAGAC AAATTGAGAT AGCGATTGTA 300
 50 ACAGGTAAAG TAAGCAACGA AGAACTGAA ATTTTGAAAT GGGTGGATAA TCATGTCAAA 360
 ATATAGTCAA GATGTACTTC AATTACTCTA TAAAAATAAA CCGAATTATA TATCTGGACA 420
 AAGCATTGCG GAATCACTTA ATATTTACG CACTGCAGTA AAAAAAGTGA TTGACCAATT 480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACTT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCG TGTTAAGACC 780
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840
 TGCGATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAC TGAAATGGTT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACCT TTGATGAAAG 1020
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080
 ATTTTITAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCA GATATAGATT 1320
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTG 1380
 GNAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2202 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

40 CCAAGTTGCC TAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGANGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACTAATA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240
 AATTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCGA 420
 55 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAaC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

EP 0 786 519 A2

CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA 600
 GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA 660
 5 GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG 720
 TGGCAAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC 780
 10 AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG 840
 GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG 900
 GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA 960
 15 TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAAGCTTT AAAAACAGTA AAAATAAAGG 1020
 AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA 1080
 GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT 1140
 20 AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC 1200
 TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAAA AATTAGTAGG 1260
 TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTT GTATTTTACG 1320
 25 TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA 1380
 AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC 1440
 30 TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAACAC CTGCAGATGC 1500
 TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA 1560
 ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA 1620
 35 CTTATTTGAG CGTGTAACAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA 1680
 TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG 1740
 TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG 1800
 40 TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTGTA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT 1860
 TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA 1920
 45 AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT 1980
 TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG 2040
 AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA 2100
 50 CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT 2160
 GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGNaATC CAAAGATTTA TT 2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

(A) LENGTH: 785 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

10	AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG CAAGATGATG GCACGATAAA	60
	ACCTAAACAG AAGAAmATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG	120
	AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA	180
15	ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT	240
	GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA	300
	CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG	360
20	CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT	420
	CTTACGCAAA GTAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA	480
25	AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA	540
	CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA	600
	CAAGCCATCC GTAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT	660
30	AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA	720
	TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT	780
	TCTTC	785

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 812 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

45

45	CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGTtAATGAT	60
	AAAATATTTG TCACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT	120
50	TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC	180
	ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TCGGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT	240
55	GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT	300

55

ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT 420
 GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA 480
 5 TTTTAAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT 540
 TGCAATGGTA TTGTTTAAAT TACTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT 600
 TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT 660
 10 TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA 720
 ATGGaGTaWT GGAATTTAAT TTGTnTTAAT AAAGCACTCG TTAAAATACT TGThAAAATG 780
 15 CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1732 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT 60
 TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT 120
 30 GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA 180
 TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT 240
 35 GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA 300
 AAGAAATTAA TTAgtGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC 360
 AAATfCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTTC AGCAGACTTA 420
 40 CCATTTCGCAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT 480
 GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA 540
 TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT 600
 45 AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGTG GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA 660
 TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA 720
 AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA 780
 50 ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA 840
 AACATTAAA TAATGAAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC 900

55

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTtagT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140
 AAGAAGTGT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACCTTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380
 GTTATTCACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440
 CCTTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTTA CAGGTGAACA TGTA AACAG CTTGAAAAAT 1500
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTCCAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2779 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60
 AAAAATAAAT AGTATTGCGA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTCAGCAG TACAAATTGT 240
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300
 45 AATTGGTTAT GGAAGTCAA ATCATCCATT TAACAGTTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCCG 420
 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600

EP 0 786 519 A2

	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGAGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTTATTTA	1080
	TTCTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TGCGTTTTTC ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCGTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTGCGCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTACTATTAC TGAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACAG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTACTACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGTCaAG TTTGGGATGG GCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGCGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TCGTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAAA TACAaMTGTA CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTGrGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TcmGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TGCGTGTAAT GCTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400
55		

EP 0 786 519 A2

	CAAACCTGCTC TTTTGTCAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA	2520
	TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT	2580
5	TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT	2640
	TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT	2700
	CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAAAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA	2760
10	GAAACCGCTC AATAAATAA	2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

15	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1999 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

	ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAAATATAA TCAAATTCAT TTTTCATCAAA TTGCTTAAAA	60
25	TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA	120
	TGTTTTCTCG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT	180
	TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG	240
30	TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT	300
	ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT	360
35	TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTTGA	420
	GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA	480
	TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT	540
40	ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AACATTATG CTCATAATTA	600
	ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTATTAT CCATAGAACT ATAATCCTTA	660
	TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA	720
45	TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT	780
	GTAAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG	840
50	GcTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT	900
	TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTTCA TTTTATTAT TTAATAAAAG CTTCCGGTGTA	960
55	TAATTCCTT TATGAGAAAT ATGTTTGTCT ATAAACCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA	1020

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140
 TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200
 5 TCCAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260
 CATTTCTTCT CTAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTCa GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320
 ACnGCCAGGA AATTCCCACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380
 10 AATTTTGTTA TCAGAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440
 CACCCTTCAA TTTAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500
 15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560
 ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTTACT 1620
 TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTCATGTTT 1680
 20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740
 TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTATGg GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800
 AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGGTATACGC GGAAATTCG 1860
 25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTa GGTTTAGCGC 1920
 GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980
 TTTCCAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1933 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAAATGCG TCAAAGGATG 60
 GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120
 45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTTA AATACTGCAT ATTCATATAT 180
 TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240
 50 AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300
 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360
 ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTTAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840
 TCTATCTGTA ATATTGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900
 15 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTTCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960
 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020
 TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGC GG AAATACTTAC GTAATCTTT 1080
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTCAAG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT 1200
 GCCGCCTTTT CTAAATTCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATT TACCATTTTG 1260
 25 TGTCTTAAT TCGTTGTATT CTCTTCTTG TTCTGGCTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGTA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500
 TAATACAAAA TTAATATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG 1560
 AACACGTTC CAATAGATTT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620
 35 CTTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680
 TTCAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAATTGT TGCAATTCA AATTCTTGAC CTTTAAACAA 1740
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTTCCAATA CTAGACGTGT 1860
 ATTAACCTCT ACTGGGAACT CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAAT 1920
 45 GTAATCGATC ATT 1933

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGThCGGnCA GATATATTGG TGGTCTTTAG TAAGTGTATC AAATTCATCA GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC ACCTCCTTAG GTTGATAACA aCATTATACa CGaAAGGAGC ATAAaCAAaT	120
	GAACACAaGA TCAGAAGGAT TGCGTATAGG CGTCCCACAA GTTTCTAGCA AAGCTGATGC	180
10	TTCTTCATCC TATTTAACGG AAAAGGAACG TAACTTAGGA GCGGAAATAT TAGAACTTAT	240
	TAAAAAAAGT GATTACAGCT ACTTAGAAAT AAACAAAGTT TTCTATGCAT TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC AGGGCGAATA ATAACAAACT TTAaCATTa TCTAAAGGAG TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC ATAATACCAC CAACACCAGA AAACACATAT CGAGGCGAAG AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA TACGCAACAC CTACACAAAT CCATCAATTG TTTGGAGTAT GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC TGTTTGAAAT ATTACCGTGA AGATAATTTA GGTGTAGAAA ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA GCAACGGGAA CATTGATTAA TATTTCTAAA TTAGAAGAGT ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA AAATGGTATT AGGAGGATTA TCAAATGAGC GACACATATA AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG TTGTGCTTCA CGGTCTTAGC GATTGTACTC ATGCCATTGC TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG TCAATTGCAG GATTGCGAAG TATAGTGACA TTCATATTTT ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA GAATAAAAAA ACTGCTACTT GTTGGAGCAA GTAACAGTGC AAGATGAGCA	840
30	ATTGTCTTAA ATAATTATAT AAGGAGTTAT TAATATGACC TTACAACAAA AAATACTATC	900
	ACATTTTGCA ACATATGACA ATTTCAATTC TGATGATGTT GTTGAACTT TTGGGATATC	960
	TAAACACAT GCAAAATCCA CACTTTCAAA ACTTAAGAAA AAAGGAAAGA TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT GTCTGGCGTG TTATTGAATC GCAATTGCAT TTAAGTGTAG TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT TTAGAAGAAC AATTTGAATT GTTAGCAAGA TTAAATGAAC AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA ATAGAAGAAC GTATCAAGTT AATGATTCGT CTAGCTAACC AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT CAATGGCAGT ATTAGAAGGT ATTTTGAAG AATTAAACT ATTAAATAAG	1260
	AACTTACGTG TGTTAAACAC TGAACATCA ACTGTAGATT CATCAATTGT ACAAGAGAAA	1320
	GTTAAAGAAG CACCAATGCC AAAAGAAGAA ACAGCTCAAC TGGAAATCAAT TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT CTGCTGATTT GACTAAAGAT TATGTTTTAT CAGTAGGAAA AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG ACACCTTCTGA TAAGAAAGAA TTTAGAAATA AACTTAACGA ACTTGGTGCG	1500
50	GATAAGCTAT CTAATATCAA AGAAGAGCAT TATGAAAAAA TTGTTGATTT TATGAATGCG	1560
	AGAATAAATG CATGAAGCTA GATCACTCAA ATAGAGCTCA TGCAAAGCTT AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA ATGGCTAAAC TGTCCACCGA GTATTAAGGC AAGTGAAGGT ATTGCAGATA	1680

55

EP 0 786 519 A2

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTTGGTAY TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040
 10 TAGATAATC 2049

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 942 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAAT 60
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120
 TTCATCTTCA TTA CTCTCTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180
 GAATCGTCCA ATCATTTCCTA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACCCC ACATTAACAT 300
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAAAATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480
 CCTCATT TTTT TGTCATTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCACTTCAT 660
 CAATTTGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAaC TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840
 ATATAACGA TATGACGCTA CCCAAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTT 900
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

55

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1268 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCCTG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTTTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTCAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
25	CAAATTCCTG TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTGAATGT	540
	GTTCACTCTC ACAATTTGGA CATTGATTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTAATAAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCAGAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACTTG TTCCTGTCGA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTCAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CAC ¹ TCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTTCATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTTGC GGTGTTAGAG CGATTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 629 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAAATTGTG ATGATATCAT 60
 CAATAAAATG TTGAAACTTC GTAATTCAC CTTCATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTCGACAT GCGTTGACTA TAATAAACTA 180
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240
 TCAAAGGATA GTGTTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAAGTCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480
 GATTTGTACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTTGTG CCTTTTAAAT 540
 20 ACGTGGACTC GGTGTTTAA TTCTATTTT TCTaTATaC TCCACTaTGT CTAAAGaKGT 600
 TkGCTAAACG CGTTGtCGTC GATGATTAA 629

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2817 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60
 AGATAAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120
 40 TAACTTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180
 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTATG AATAAACCTA AATTTTAAAT 300
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GKATGGATCC AGATGGCTCa ATTGATGTGC TGAACAAT 360
 TAAGTCTTTA GKAAATGaC TTGATATGAG AATTCTaATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT 480
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA 600

55

EP 0 786 519 A2

	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAAT GTTTGTTGTT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GaLACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTC AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
30	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAAT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCCAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTTG TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGTT GTGTTTATAT TATTTTTAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

55

TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG 2520
 AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT 2580
 5 TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGGa TTCgGATATA 2640
 AAAGrACaAA AGTTGGCaAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT 2700
 TAAAATTAAA CTTACTTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT 2760
 10 AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC 2817

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1607 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

TCTGTAAAA TGATTTTCT TTTAnAAAGG CCGnAAATCA ATGTTTCGATT nTTATTTGCA 60
 25 TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC 120
 ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA 180
 CGGATTTCTT GGCAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG 240
 30 GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT 300
 TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTTGATCCA GTTGCACTAT 360
 TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA 420
 35 ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC 480
 gTGGgGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG 540
 40 TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT 600
 TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC 660
 CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG 720
 45 TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG 780
 AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA 840
 GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA 900
 50 AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG 960
 AATTATTCCA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA 1020

55

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACCT CAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAACCT 1200
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTTA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500
 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560
 15 rTTAgATGAT AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACTTGA ATGGTAA 1607

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3055 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60
 30 GGATTTTCAG CATGTTTATT TGATTTATTC ACCTGTTTAC ATCTATTACCT TTTATTACCT 120
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180
 AATCCAACCTA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTTCAT CAATCAACCA 240
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300
 GACATAACTG TGTCGTTTCG ATAAAAACAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360
 40 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTATT 420
 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480
 CTGTCCGACT ATTCCTTCATC AAAAAACCTG ATAAAAACAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTCTCTCCAC 600
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780
 AGAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

	TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA	960
	AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT	1020
5	TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA	1080
	CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTTGCC CATTTTGT TT	1140
10	GATCTGAATT TTTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG	1200
	TrGCTAACAC TaCGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTA CT GGCAATAAAA	1260
	TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA	1320
15	TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGcA TAAAAATGAA	1380
	TTGGtTGCCA ACmAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT	1440
	CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT	1500
20	TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA	1560
	TAAGACCAAG TACGCCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTTCT CCAACTAACA	1620
	TCATACCAAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATTT ACAGTTGGTC	1680
25	TATTTTGT TT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC	1740
	ATGCGCCACC CATAATTAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAAATTTGA GGTATTGATG	1800
	ATAAGAAGGA ATGATTTGTC ATTACAAC TG CTAGCCATGC GCcCGCAAAA GCCGGAATTA	1860
30	AGTTACCTTG AACAACTCCC ATTTTAATTA TCTGTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC	1920
	TAATATTTTG TGACmAGTA TGCTCTTGTC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA	1980
	TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC	2040
35	AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA	2100
	TAATgTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT	2160
40	TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG	2220
	ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTTCTGTC	2280
	GTGGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC	2340
45	GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG	2400
	GCAAAAAGAA TTTAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC	2460
	TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTTGGCCAC	2520
50	TATGTCATGG TCGTTGATT CCAGAAITCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC	2580
	ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA	2640
55		

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGA 2940
 10 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000
 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 748 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTTGAGACT TTAAAAATG ATCCGTATAA 60
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAG AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240
 30 TTAATTAAAG AAAGTAGTAT TTAAGTGTAG GGAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420
 35 AGAAATATGA GTTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540
 40 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaaCT ATATAGAGCC 660
 TGTCACTGAT CaaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4718 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

5	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACITTT TTTGTG _a AAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACtAC y _c TGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
10	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTA _c C	240
	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAA ACACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTCGCATG	840
30	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTCTG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATCCG CGACATCG _c g CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTCGATAA AGCATAAAGC TTTGTCGGCA	1620
	GTTTTTTT TAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

EP 0 786 519 A2

	TGaTGCTCGT ATTTTGAAG TAAGAAAAA GTTGTTTTAA AAATTACAAC GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT TATATGTTGA AAGAGTATTG CaGATTAAAT TaTAATAATG ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG GGGTTAATGT TCATGCGAAG ACACGCGATA ATTTTGGCAG CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG AAATCTAAAA AGTATAAAGT GCTACACGAG GTTGCTGGGA AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA TTGAAAAGTG TGAAAGGCTC TGGTGTGAT CAAGTTGTAA CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT GAAAGTGTA AAGGACATTT AGGCGAGCGT TCTTTATACA GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACCTC GGTACTGCGC ATGCaTGCAA ATGGCGAAAT CACACTTAGA AGACAAGGAA	2160
15	GGTACGACAA TCGTTGTATG TGGTGACACA CCGCTCATCA CAAAGGAAAC ATTAGTAACA	2220
	TTGATTGCGC ATCACGAGGA TGCTAATGCT CAAGCAACTG TATTATCTGC ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG GATACGGAAG AATCGTTCGA AATGCGTCAG GTCGTTTAGA ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG ATGCAACGCA AGCTGAAAAG GATATTAATG AAATTAGTTC AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA ATAAAACGTT GTTTGAAAAA TTAACACAAG TGAAAAATGA TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT ACCTCCCTGa TGTATTGTCG TTAATTTTAA ATGATGGCGG CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA CCAATGATGT TGAAGAAATC ATGGGTGTAA ATGATCGTGT AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA AGGCGATGCA ACGTCGTACG AATCATTATC ACATGCTAAA TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC CTGACAGCAC TTATATTGGT CCAGACGTTA CAATTGGTAG TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG GCGTACGAAT TAATGGTCGT ACAGAAATTG GCGAAGATGT TGTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG AAATTAACAA TAGTACGATT GAAAATGGTG CATGTATTCA ACAGTCTGTT	2820
	GTTAATGATG CTAGCGTAGG AGCGAATACT AAGGTCGGAC CGTTTGGCGA ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT TAGGTGCAGA TGTTAAGGTT GGAAATTTTG TAGAAATTAA AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG GTGCCAAGGT TTCACATTTA AGTTATATTG GCGATGCTGT AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA TTGGTTGCGG AACGATTACA GTTAACTATG ATGGTGAAAA TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG GCAAAGATTC ATTTGTAGGT TGCAATGTTA ATTTAGTAGC ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG ATGTATTGGT GGCAGCTGGT TCCACAATCA CAGATGACGT ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG TGGCAAGAGC AAGACAAACA ACAAAGAAG GATATAGGAA ATAATCATTT	3240
	ACGTATTTAA AATGGCTAGG ATAAAAGGAT AATCCTATGT AATATTAATG TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA TTCGCATAGT AATGGAGTTA CATyTTATAT ATAATAGTAA TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG AGGACTATAA ATGTTAAATA ATGAATATAA GAATTCGTCA TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA AGGAAACGAA GCATTAGCGC AAGAAGTTGC TGACCAAGTA GGAATTGAAC	3480

55

5 GTATTTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660
 10 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840
 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900
 TCGTTGTTca CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGACGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960
 15 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020
 CATGTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380
 TGTATAATAG TTTCGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTGTAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAC CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTATCGAA 4680
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3181 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

50 AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60
 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

EP 0 786 519 A2

	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTAAAT	360
5	GGGATTGTGA CCGTTCCTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTTGGGGTAT TACAACAACT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
15	AATTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTCTGTC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAATT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAgcAGCT GGATTAACAG GATTATTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCTCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
40	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAACT CTTCAATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGTT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATTT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980
55		

EP 0 786 519 A2

	TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA	2100
	AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATTTCAT	2160
5	AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG	2220
	ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA	2280
	TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT	2340
10	AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT	2400
	AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT	2460
15	AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG	2520
	aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC	2580
	TAAAAATAAA TTTAAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG	2640
20	AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTCGCAA GTTTAATATT	2700
	AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC	2760
	ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACaACGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA	2820
25	AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT	2880
	TGGTGCCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC	2940
	ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC	3000
30	TAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG	3060
	TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTGCG	3120
	ACCTAATAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT	3180
35	T	3181

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 4029 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

	TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTTG AATGATATGC ATTCGTCAAT	60
50	TGTTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA	120
	AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTT AGAACCACAA	180

55

EP 0 786 519 A2

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACCGC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGTT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTAACGCTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA CTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTCCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGAATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACRAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGTtCTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGTTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTTA ATTCCCTCAA CTATCATTCC	1320
	AGTTTCCAGA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTCGC GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTcAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTCATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCTTC TTCTCCAAAC ATTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980
55		

	CAAAGTGGCG GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT	2100
	TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA	2160
5	GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACCTT ATTATAATGA TTCGTTAACG	2220
	GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA	2280
	CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA	2340
10	TGACAGATAA TATTCCTGAA GTGGTGCCAT TACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT	2400
	GTTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAAA TGACTTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn	2460
	AATCCAGGTA TTTCACTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC	2520
15	ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTAA ACTTTCTAAT	2580
	TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACACTGT TTTGGAATTA	2640
20	GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACTTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT	2700
	ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA	2760
	TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAA CTATCTTACT	2820
25	GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA	2880
	AATAATCAAA AGTGCACATT ATTAAAATAT CAATTTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT	2940
	TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT	3000
30	AAGAACCTTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT	3060
	ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCTTTTCTCG TTTTCGTCAGA TTCAAACGTT	3120
	TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTTCTTGTGT TTTCTTTTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA	3180
35	AAAAAGAGAC CTCACGGTCT CAACTTGCCT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT	3240
	TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCCTC	3300
	TCCTTCGGCT CTCGCTTACT CATTTAGCTC TACTAACTC GTTGCGCTCT TTTCTCGTTT	3360
40	CGTCAGATTC AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTT TTTGTGTTTA CTTTTTATTT	3420
	TGACGTTTTA GTCATAAAAA AAAGAGACcT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT	3480
45	TTTTTGCGTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GwCGCTAaGA	3540
	acCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTTCCTCT yCTTCGGCTC TCGCTTACTC	3600
	ATTTAGCTCT ACTAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA	3660
50	CTTCGCCAAG CCATTTTTCT TTGTGTTTGC TTTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA	3720
	AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTTGCTGG CAACGTTCTA	3780

55

EP 0 786 519 A2

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900
 TTCAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGGA TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020
 GAACCTATT 4029

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7159 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAATAT AGGTTCAAGA 60
 ACATTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCm CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGaGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180
 25 TGAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTACATT TGATAAAGTA TTATTTGTAG GTGGAGATTG 300
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360
 30 AGGTCGCGGT AAAAAATCA CTGTATTCAC ATACAAACGT CGTAAAAATT CAAACGTAA 420
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACAATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540
 35 GGCCATGCTG aCCATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600
 TTGFTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660
 GACGACAATG GTGGTCATTT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720
 40 CTAATCTTC AAACAATGCT TGTGCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTC CGATGTAAA ATTAACTTA CAATCTTCG 840
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960
 GTACTAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020
 50 AAATCGACGG CGTTGTAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTTCTGTAT 1080
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTT 1140

EP 0 786 519 A2

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTTAAAGAAT AAACTGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATT TGGTGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCTG ATCAACGTAG TTTTGTATG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTTGCTCG	2640
45	TCAAATGCGT TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGCGG GAGAATTTGA ATTCGTTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATAAAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

EP 0 786 519 A2

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
10	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTAAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
15	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCTTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTC AATTGTCTGT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
35	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTAGAT	4260
40	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACTTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCAGC CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

EP 0 786 519 A2

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
5	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
	TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTCAGCGG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTGTGT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
	TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
30	CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
35	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
	AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTGTA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTCAAGCG GTTTCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55

EP 0 786 519 A2

	AATGGTTGAA CATAcAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT	6660
	AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTcCGGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT	6720
5	CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTTAGTTAT	6780
	TAAAAATGCA AAATTTCAG ATGATTAAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC	6840
	ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACTTTGG	6900
10	TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG	6960
	ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAGA TTTCAAAGAA GAATCTTCG AGCAATATGG	7020
15	ATTAAATGTT GAGAACCcAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC	7080
	ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA	7140
	ACAAAAACTG TGCGAAACA	7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 3159 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

30	TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA	60
	AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA	120
35	ATTTGATTTT GTAAAGATA AAAAAATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG	180
	CTTCATTAGC TCTAGAAcAA CATATTCAGA CTTAAAAAAA TATCCATATA TTAAAAGAAT	240
	GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GAraACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT	300
40	TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA	360
	TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC	420
	TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA	480
45	AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTCGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC	540
	ATATGATCAA TACTTATTTG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCAGAG ACTATTTcGT	600
50	CCCAGATAAT CAACTACCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC	660
	ATTGTCACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA	720
	CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA	780

EP 0 786 519 A2

AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA 900
 CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT 960
 5 TTATCGTACA TTAAATTAA TAATAACAAC TGATTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA 1020
 TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTAACTT GAAAGCTTAa ATAAATATTA 1080
 TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtagATG GATTCATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT 1140
 10 TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT 1200
 AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA 1260
 15 GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTAACTTA 1320
 ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA 1380
 AAATATATTA TTATTTAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT 1440
 20 TAAAAATAAA ATATTAATA CAACTTATC TGTGAGCTTA CTGCCCCCTC TGCCAATCC 1500
 GTTATTAGAA AATGcLAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT 1560
 AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAATAT 1620
 25 TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA 1680
 AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAAACTAATC ATGTTAAAGC 1740
 TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT 1800
 30 AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA 1860
 CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAATGGAT CATTTAATA 1920
 35 TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAACTC 1980
 AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTGCGC ACTGAATCAG GTCAAAAATC 2040
 AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA 2100
 40 TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCAATTAT 2160
 CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTACTTACGG 2220
 AAGAAACATG GATGTCACTC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT 2280
 45 AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT 2340
 CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT 2400
 TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG 2460
 50 CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA 2520
 AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAAATTC ACAGATTTTA ACATTTAATT 2580

55

EP 0 786 519 A2

ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG 2700
CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG 2760
5 CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG 2820
GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTtTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG 2880
AAACAATTAA TTATAAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA 2940
10 AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG 3000
GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA 3060
15 GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA 3120
ACTTCAATCC AGAATTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC 3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 3821 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

30 GCAAAAACTT TTCTCCAAT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA 60
ATCAAAATTA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTTA TTTGCATTAT 120
TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG 180
35 ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT 240
ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAAT ATTTTATTTC CGATTAGAAT AATAAGAATA 300
AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTTCGTT TTCATATTGG 360
40 CTGCATGCGG AAACAATTTC TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA 420
ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA 480
CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACCTAAAT 540
45 TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA 600
TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT 660
50 ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG 720
ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA 780
AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT 840

55

EP 0 786 519 A2

	AAAAACCTAA TGcTAAGATC AAAGCAATCA AAGGTAATGC TGAACAAAGT AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC TAAAAAAGCA GATGATGAAA CAGTTCAAAA ATTCAATGAT GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA AAACGGTGAA TTAGCTAAAA TAGGTAAGAA ATGGTTTGGT CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA ATAGCGAACA ACAACATGCG CTAGATGCTG CAAAACAAGC TTTCGGACCT	1140
10	ATGCTAGAAG GTTTGGTCAA ATATTCAATT CCTATTACAT TAGTTACATT TGTTTTAGGA	1200
	TTGATTATTG CATTATTAC AGCATTAAATG CGAATTTCOA CGAGTAAAAT TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG TCTATGTATC TATTATTGCA GGAACACCAA TGATAGTACA ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG GTATTCCAGA ATTAGGTAGA TTATTAACAA ATGACGCTGA CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC CTGTAGTGGC TGCTATTATT GGTTTATCAT TAAATGTAGG TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA TTCGTGGCGG TATTATTTCT ATACCGAAAG GACAAACAGA AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA TGACGTATGG TCAAACGATA CAACGTATCA TTTTACCGCA GGCAATTCGA	1560
	GTGTCGATTC CTGCACTAGG TAATACATTT TTAAGTTTAA TCAAAGATAC ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT TAGTGGCTGA AATGTTTGA AAGCTCAAG AAGTTGCGTC TACAACATAT	1680
25	GAATATTAA CAATTTATGT GTTAGTTGCG CTAATGTACT GGGTGGTATG CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC AAGGTATCTA TGAATCTTAT ATTGAAAGAG GGTATCGCTC ATGATTCAAT	1800
30	TGAACAATAT CCATAAATCA TTTAATGATG TTGAAGTCAT CAAAGGTATT GATTTATCTG	1860
	TTGAACAAGG TGAGGTTGTA ACCTTAATCG GTCGATCTGG TTCAGGTAAA ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT TAATGCATTA GAAATTCOA CTGAAGGTAC AGTTTATGTT AACGGCAAAA	1980
35	CATATACATC TAAAGATAAA AAATCACAAA TAGAAGTTCG TAAACAGTCT GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA TAACCTTTTT CCGCATAAGA CCGCATTAGA AAATGTAATG GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA AAAGTTGAAA AAGGATGAGG CACGTGGGAA ATCACTTGAG TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT AACACATGTC AAAGATCAAC GTCCACATGC ATTATCAGGT GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC TATTGTCAAG AGCACTAGCA ATGAACCCTA AAGTGATGTT GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG CACTTGATCC TGAACCTGTG AATGATGTTT TAAAGGTTAT TAAAGATTTG	2340
45	GCTAATGAAG GCATGACAAT GGTCAATGTG ACACATGAAA TGC GTTTTGC TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA TTGTATTTAT TcmTGAAGGC ATGATCGGAG AACAAGGGGC TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC GTCCGAAAAC AGAAGAATTA AGACGTTTCT TAAATGTTAT AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA GAACCACGTA TCATGTTTTA GTATGGCGAT GAAGCCATAT ACATGATGCG	2580
	TGGTTCTTTG TTATGTTGTC ATAATCTTGG AGCGATATTT TAACGACGTT TATGATTTAA	2640

55

EP 0 786 519 A2

TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760
 TGAAGAGTCA CCGGTAATAC CATAAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820
 5 CTTAATCATT TCCCaCTGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940
 10 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000
 ATTTAGCTGT TGTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTATTTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA 3120
 15 CGTTTTTAAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTCATCGTA 3180
 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300
 20 GACACCAaTa TCaTATGTtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAACGGA TTTGGCTCAT 3420
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTTATCCA TTGTTCTaAC 3480
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTAAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600
 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660
 30 ATAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T 3821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1422 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTTCAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120
 ATTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

EP 0 786 519 A2

	TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA	360
	TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA	420
5	CCCCAAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA	480
	TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTTC ATATAACTAA TTTCACCATT TATCGTCGAA	540
	CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT	600
10	GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT	660
	TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT	720
15	TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT	780
	GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGGGTTTTA	840
	TATTGCGTyT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA	900
20	TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AACTATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG	960
	TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC	1020
	GCTGATTGAT TAGCACGAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT	1080
25	TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT	1140
	ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTGAGTA	1200
	GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC	1260
30	TCAGCTGCTT GAACCTGATG TGCAGTGACT GCTGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT	1320
	GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT	1380
35	TATtACTAAC ATTATAGTAC CTGTnTTATA TACCTGTGCG TA	1422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

	ACGCGTTGGT TATTTCAATC ATAATATTAC TCTGCAAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA	60
	AATGGATAGA GATTTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG	120
50	CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAAATG AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG	180
	GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTTAAG AGCTTTAAAT	240

EP 0 786 519 A2

	GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT	360
	TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT	420
5	TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT	480
	ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT	540
10	ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT	600
	CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT	660
	AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACTACT	720
15	CAAATTAATA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA	780
	TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT	840
	TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG	900
20	TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATAC GTACGGTAGT	960
	CTCCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC	1020
	TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT	1080
25	CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGGAATG	1140
	GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACCTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT	1200
30	CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTGATTA ATTGCAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC	1260
	CAACATTGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTTAGT ACCTGATTCTG ATGACGCTG	1320
	TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA	1380
35	ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT	1440
	TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTGCGAT TAACACGAAT AATATTATG TTGAAACCTT	1500
	CACCGAATTG TCCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGtAAGCCA TGGTCTACAA	1560
40	AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT	1620
	CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT	1680
	CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC	1740
45	GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT	1800
	GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT	1860
50	CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA	1920
	CAGTTTGTTT TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTGCGATTA ATGATTGCTT	1980
55	TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT	2040

EP 0 786 519 A2

TAAATGAACC TTCTTCATAA ACTGAATTTG GACCACCTGA TAAGATAATA CCTTTTGGAT 2160
 TCATTTTCTT AATTTCTTCA ATTGAAATTT CATGATCGTG TAATTCACCTA TAAACGCCCCA 2220
 5 TTTACGAAT TCGGCGTGTA ATTAATTGGT TGTATTGGCT ACCAAAGTCT AAGACAAGGA 2280
 TTAACCTCTG TTCTTTTGCC ATTTCCATAT TTGTCGTTCT CCTTTATCTT AATTAGAATG 2340
 AGTAGTTCGG TGATTCTTTC GTAATTTGAA TATTATGTGG ATGGCTTTCT GCTAAACCAG 2400
 10 CAGGACCCAT ACGTGTAAT TGTGCTTCTT CGCGTAATTC TCTTAAATCG TGTGAACCAG 2460
 TATAACCCAT ACCAGCACGC ACACGCCCCA TTAATTGGTA AATTGTATCT TGTAACGCAC 2520
 15 CTTTATAAGC CGTACGTCCT TCGATACCTT CAGGAACAAA TTTCTTAGGC GCTTTGTCCT 2580
 CTTGGAAGTA ACGGTCGTTT GAACCTTTTT CCATCGCACC TAAAGAGCCC ATACCACGGT 2640
 ATACTTTATA TTGTCTACCT TGGAAAATTT CTGTTGCGCC TGGGCTTTCT TCAGTACCTG 2700
 20 CTAATAAGCT ACCTAACATA ACCGCATGTC CACCAGCAGC TAATGCTTTA ATGATATCTC 2760
 CTGAGAATTT AATACCACCA TCAGCAATGA TAGCTTTACC ATGTTTGCGT GCTTCAGTtG 2820
 CACAATCATA AATTGCTGTA ATTTGTGGTA CACCAACACC TGCTACAACA CGCGTCGTAC 2880
 25 AAATTGAACC TGGGCCAATA CCAACTTTAA CAATATCTGC ACCCGCTTCA AATAAATCTT 2940
 TTGTTGCTTC TGCAGTTGCT ACGTTACCTG CTACTAATGT GATTTCTGGG TAAGTCTTCT 3000
 TAATATGTTT CACTTGATCG ATAACACCTT TAGAGTGACC ATGTGCTGTA TCGATAACTA 3060
 30 AGACATCCAC ACCTGCTTCG ACTAATTTTT GAGCACGAAT ATCAGTATCT TTTGAAATAC 3120
 CAATTGCTGC GGCTACAAGT AGACGACCAT GTTCATCTTT TGCTGCATTA GGAATTCGA 3180
 TAACTTTTTT AATATCTTTA ATAGTAATAA GACCTTCTAG ACGTCCGTCT TTAACATAAG 3240
 35 GTAACTTTTT AATCTTATGT TTTTGGAGAA TTTTTTCTGC TTCTTCAAGT GTTGTATTCA 3300
 CTGGAGCTGT AATTAAATtT TCTTGCGTCA TTACATCTAC AATTTTAATC GAGAAGTCTT 3360
 40 CAATAAAACG TAAGTCACGG TTTGTAAAAA TACCTACTAA GTTGCGATCT TCTTTATTAT 3420
 CAACAATTGG TACACCTGAA ATACGGTATT TACCCATTAA TGCTTCTGCT TCATAAACGC 3480
 TTTCTTCTGG CGTTAAGAAA AATGGGTTTG AAATGACACC ATTTTCTGAG CGTTTTACTT 3540
 45 TTTGAACTTC GTCGCTTGT TCTTCAACGC CCATATTTTT ATGAATAACA CCTAAACCAC 3600
 CTTGACGAGC CATAGCAATC GCCATTTTAG ATTCAGTTAC AGTATCCATA CCAGCAGAAA 3660
 TAACTGGAAT ATTTAATTTA ACTTTGTCTG ATAATTGTAC GCTTAAATCA ACGTCTTTTCG 3720
 50 GTAAAATATC AGATTGTGCT GGAATTAATA ACACATCATC AAACGTTAAT GATTCTTTTG 3780
 CAAATTTACT TTCCACATT AAAACAGCC TCCATTTTTT AAATTAATTA GTTATATTAT 3840

55

	GCAGAGATTG CGCCTAAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AaACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTGC ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCCTGGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	AACTACCCG TTACTIONTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTGCTT	4860
30	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCTCTG TTACTIONTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAACTA AGTAAGCGAT TTGTTGAGT GTAAACTTCA AACTTGTAAC AACAATGATT	5040
	GGAACCTAAGA TAGCACCTGC GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATT TTCTCCACC AATGTCACCT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AAACCTTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATT TCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTGC TTTTTCGCA AATAAACATG	5460
50	GCACATCAAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GCTCGTAAAA AGTGCAGCA ACTTCATTCA	5580
55	TTAACTTTGC ATCAATTGTA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAATC TTCTCATCAA	5640

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA 5760
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820
 5 TGTAAGAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880
 CCATGGTTAC AATTTAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940
 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000
 10 ATGTAAATTA TTTAAGGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

15 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 6136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120
 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180
 30 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GCAATTTCTT TACTGTGGCT 300
 35 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360
 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAAAC AAGCTAAAGC 660
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATTT 900
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTAAAGT ATTGACTTGT 960

55

EP 0 786 519 A2

	ACCTTGCA TG TCTAAAGATG TCATATAATC ACCAACAAAC CATT TAGCAA CATT AACCGT	1080
	TCTTGCA GCT AAATTTTGTT GAATATATTT AGTTACGATA TTTAATTCAG ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA CCATTTACCA TTAATATGAC ATCATTGGCA GTAAC TTCTT TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT GTTCCAACAA TATGATCAAT ATCCTTTACT TCTTCCCTAT GAATACCTTT	1260
10	TTCAACATGT ATACCAATAC CGATTTCCAT TTTGTCGTCT TCAATATCAA AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT GGAACAAGCG GTGGCTCAAT TGCCATACCA ATACTTTTAA TTTCAAGTAA	1380
	CAACGCTTCT ACACGCGATT TTATCTCTGT TAATGAATAA CCTTTTTCAG CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA TGAACAAACA CTGTTCCTGC AACACCACGA CGTTGTACTT CGTTTGTAC	1500
	AGCAATGTCG TCACGAACAA TAACAGTTTG AACATTTATA CCTTCCATTT CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT TCGAAATTCA TCACGTCACC TGCATAGTTT TTTACAACTA GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA TCTACTGCTT TAATAGCTTC TAATATTTTA TCAGGTGTAG GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA CAAACCGCTG CATCTAGCAT ACCTTCTGCA ACAAACCGG CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG CTCCACCTC CAGAGACTAT TGCTACACCA TGTTCTTTCT TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT GTATTAGCAA TCAGATCTAA CTCTGGGTGC GCAATTAACA ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT AAAAATGTTT CTTTTTTATT GATTAACTTT TTCATCATGT TGTACCTCCT	1920
30	TGGTATTATC AGTCATAGTA TAAACAGAA TAAATGAATG CGCTATCATA AAGAATTAAC	1980
	CTGATACCGT TATCAAATAT ATTTTGTATA AGATCCTCTT GATAACTTAA TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT AAATAGTCTT GAGTGGCTCA TTAAATAAAA AATGCTATGA AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC CTTTCATAGC AATAAGTTGT GTCCATTGAC ACTATACATT TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT ATAAGAAATA CGGTGCACCA ATAATTGCTA CGACAATACC TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT GTAATACAAT TTTGCCAATT GTATCAGCTA TAACAAGTAA ACATGCCCT	2280
40	ACTAAAATGG CAATTGGTAA AAACAACTGG TGACGTGGTC CAACGATACG TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA TTAATCCGAT AAACGAAATT GAACCTGCTA CTGCTACAGC AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG CGATAAGAA TAATATTAAA CGTTCTCTGC TTAACCTTAC ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT TATCACCCGT ATGAATAATA TTTAGTGTAT TCGATTTAAA TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA TCAACACCCA CGGTAAAAAT GCAATGACAA ATGGCCATTC GTCACCCCAA	2580
50	ATATTACCTG CAAACCAAGC AGCGATGAAA TCAGATTGCT TATCATCAA TTTTGACATA	2640
	ATTGTAATTG AGCCACCATA TAATGCTGTT TGTAACCTA CACCTATTAA TACCATACTC	2700
55	GCAGGTGTAA CACCTTCATT TTTATTAAAA CTGAATAA AAATAATCaA TGCAGTGgTG	2760

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACTGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGCtGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTGT AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
10	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
	ATCAATTGTC TCGTTTTATT ATTTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTCAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
30	TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AACTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTTGCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTAAAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GGC GTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAAACAACA TCAATATTAA AACTTTTTTC TAATATTTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
50	CGCTTGTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTCTT GATTAGCTT	4440
	CTGAACATAA TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
55	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

EP 0 786 519 A2

TGCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG 4680
 AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG 4740
 5 aGGTAAaATG GctATTTTTt TGcAATCyCy TtCGTAGAtt GTGtATGAAT ATTTTCACcA 4800
 TCTAAAATA CTTCGCCTTC TTTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA 4860
 GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACTT TGCCATCTGG TATTTCAACA 4920
 10 TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA 4980
 CGATTCATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCTTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT 5040
 15 TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa 5100
 TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTTAAA TTGGATAGCT CGATTTGTCA 5160
 TGTCTTGtAT ATTACTTTTA TAAAATAAAA AACGCCCACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA 5220
 20 AAACCTGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG 5280
 CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT 5340
 CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AAACCTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA 5400
 25 AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAAATGGTT AAACCTCTTC 5460
 CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG 5520
 CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTGTTTCCT ATATAAAGTG 5580
 30 ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA 5640
 TCATATCGAA GAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTT GTTGCAATTC 5700
 35 TCGCCAAaAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTCTTA 5760
 GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC 5820
 ATGATTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA 5880
 40 TACTTCTCTT ACTCAAAAaT TTATAACCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT 5940
 TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC 6000
 CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATaATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG 6060
 45 AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT 6120
 ATATTTATTA GACTAT 6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2576 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCAATCACCA	CCATGGAATG	ATTTCTTTAA	ACGTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTCGTA	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGCCTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTA AAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcaACGAT	GTAAATAAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTTACTTA	TGTGGTAATT	TCCAATTGGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCC	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTTATACC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
50	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCAATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CAC TTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAACTA GATAATAGTG 1860
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040
 CtATkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTTTCAAT ACCAACACCT GTTGCGAGTAA 2280
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400
 CAATTAACAT TCGTTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460
 25 TAGGTTTATT TGTCCTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520
 AAGTTGTTTCG TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTC TTCTTGTCCT GGTCGAAACG 60
 TTTCATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGCAATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTT 300
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTTC CGTACAGTTG TAGAAGATTT 360
 50 AGATTGTTGC TTCAATGTGG ATTTATTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTCATAATC 420
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

55

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTGTGCG GTTCATCTAA 600
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTTAA 240
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360
 TTAAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780
 TCAACGATAA TACTATTAAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTTAC 840
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATTT GTATTTGGGC 960
 CATGTTTCAGT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200

EP 0 786 519 A2

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GGCGACACGT AACACTTTAG ATATTTTCAGC AGTACCAATT TTAAAACAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAATsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAATAATA	1680
15	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTG TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAAACGAT TGTTATAATA CTTCGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAAATATAA TAGATTCACA CATTTGTTGC TGAAATGTGA ACATTTTTC	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTTTT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTTCCAA ACAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAACTAT	2160
	GAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTGCGGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTCC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACCT TGCTCGTGA	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTAGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGGCCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000
55		

EP 0 786 519 A2

	CCACAAC TTT CTAGTGTTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAGGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
10	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTATTTT	3360
	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA AACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
30	TATCATTGTA TATACAAAA CCACTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTG TCTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTTCTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTCTGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTAATTTTGT TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTGATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAACCG CTGCATTAAT TTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

EP 0 786 519 A2

	TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA	4920
	GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTTGTAATT TCTAACAAAG	4980
5	CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT	5040
	TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT	5100
10	CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT	5160
	TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT	5220
	AAAAATTTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT	5280
15	AACAAAGGGG GAGTTTCAAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA	5340
	CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAAGCATT	5400
	TTCTTGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA	5460
20	TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA	5520
	TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC	5580
	AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT	5640
25	TGCGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTTAT	5700
	GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTAATAATAA	5760
30	GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT	5820
	AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA	5880
	TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG	5940
35	TTCTACTGGG cAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCAACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT	6000
	TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC	6060
	AGGTGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA	6120
40	TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA	6180
	AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA	6240
	TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT	6300
45	AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG	6360
	GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT	6420
50	TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA	6480
	TGAATTACCA CCAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT	6540
	GTATCGTATC TGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT	6600

55

	5	10	15	20	25	30	35	40	45	50
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33
34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55
56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66
67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77
78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88
89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99
100	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110
111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121
122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132
133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143
144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	154
155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165
166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176
177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187
188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198
199	200	201	202	203	204	205	206	207	208	209
210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220
221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231
232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242
243	244	245	246	247	248	249	250	251	252	253
254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264
265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275
276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286
287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297
298	299	300	301	302	303	304	305	306	307	308
309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319
320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330
331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341
342	343	344	345	346	347	348	349	350	351	352
353	354	355	356	357	358	359	360	361	362	363
364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374
375	376	377	378	379	380	381	382	383	384	385
386	387	388	389	390	391	392	393	394	395	396
397	398	399	400	401	402	403	404	405	406	407
408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418
419	420	421	422	423	424	425	426			

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGC GTT GACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGACTATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAATGTTTG AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAAATAGGT TGCAATATTT	9360
30	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAACCTC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
50	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

EP 0 786 519 A2

AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG 10320
 CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG 10380
 5 AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG 10440
 ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA 10500
 10 TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG 10560
 TTGAACCAGC AACTGTCATT TTTACAAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA 10620
 CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT 10680
 15 TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTG TTTCCAGTA TCTAATGGTA 10740
 CGAGAGAAGT TAAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG 10800
 ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTAATAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG 10860
 20 AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCGGTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA 10920
 GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCGGAAT 10980
 ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA 11040
 25 CGGAATTTGA AAATGTtACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT 11100
 TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC 11160
 CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA 11220
 30 GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA 11280
 AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCCA 11340
 TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA 11400
 35 ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA 11460
 ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA 11520
 40 CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG 11580
 TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT 11640
 CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA 11700
 45 TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT 11760
 CTAATGTGCA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC 11820
 ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA 11880
 50 ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA 11940
 TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG 12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCTT AAATTCAGAA 12120
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1316 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTC ACAAAGTTA 360
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540
 TTTCATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCATTTT 600
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660
 GTGCCGATT TCTATTCAAT CCTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720
 GTACATCATG TGTTTGAACA GCCTTCATT GCTCCTCTTG CTTTAATGTT GAAATGATAA 780
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTGGTAGT GCAATTAATG 840
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCGT GGGAAATGT TAAATGCTC AACATTTGAA 900
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCGTC 960
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7972 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTnG GGGCTGnTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GSTATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTCCG CACCACGTtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
30	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTAATAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTCCTGTA GCTAATGCGC	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTTACA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTTAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTCTGAAT TAAATGAAGA CTAATGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAAACAATG AAACCTACAG	1380

EP 0 786 519 A2

	ATTAAATGA TGAAATGAA AGTTTATGAT AAACATTCAA CAGTCAAACG AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT AAACCCGTTT TTAAGTGGTC AAGTTCAGTT TAAGGCTCTA AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA TTTGGAGGTT TTCCTATGTT TAAAGATTTT TTTAATCGAA CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT ACAGTACAAG ACTCTAAAAA TAATGATGTG CCTGCAGGTA TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG TGTAAGAAAA TTATGTACAC AAAAGAATTA GCTGAAAATT TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT GATCATCATA TTGCTTTAAC TGCCTATAAA CGTATAGAAG CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA TTTACAGAAT TCGATAAGGG AATGACCTCT GCGAATCCAT TAGATTTTCC	1860
15	AAGTTATTTA GAAAAAATG AAAAGGACCA ACAAAGACA GGTCTTAAAG AAGCAGTTGT	1920
	GA CTGGTACA GCACAACTAG ATGGTATGAA ATTTGGCGTT GCTGTCATGG ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA AGTATGGGAT CGGTTATCGG TGAAAAGATA TGTCGCATCA TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC CGTTTACCAT TTATTCTTTT CTCTGCAAGT GGTGGTGCAC GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT TCCTTGATGC AAATGGGTAA AACCAGTGTA TCTTTAAAAC GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA TTATATATAT CATATTTAAC ACATCCAACT ACTGGTGGTG TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA GTTGGTGATA TAAATTTAAG TGAGCCAAAA GCGTTGATAG GTTTTGCAGG	2280
	TCGTCGAGTT ATTGAACAGA CAATAAACGA AAAATTGCCA GATGATTTCC AACTGCAGA	2340
30	ATTTTTATTA GAGCATGGAC AATTGGATAA AGTTGTACAT CGTAATGATA TGCCTCAAAC	2400
	ATTGTCTGAA ATTCTAAAAA TCCATCAAGA GGTGACTAAA TAATGTTAGA TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG AAATTCGAAA TAAATTTGAA TCTTTAAAAG AATCTCAAGA TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC AAGAAGAAAT TGACATGCTT GAAGCGTcAT TGGAACGAGA AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA ATCTAAAACC ATGGGATCGT GTGCAAATTG CGCGTTTGCA AGAAAGACCT	2640
	ACGACCCCTAG ATTaTATTCC ATATATCTTT GATTCGTTTA TGGAAC TACA TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG ATGATCCAGC AATGATTGGT GGTATTGGCT TTTTAAATGG TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG GACAACAACG TGGAAAAGAT ACAAAGATA ATATTTATCG AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC CAGAAGGTTA TCGAAAAGCA TTACGTTTAA TGAAACAAGC TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA TCTTTACATT TATAGATACA AAAGGTGCAT ATCCTGGTAA AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC AAAGTGAATC TATCGCAACA AATTTGATTG AGATGGCTTC ATTAAAAGTA	3000
50	CCAGTTATTG CGATTGTCAT TGGTGAAGGT GGCAGTGGAG GTGCTCTAGG TATTGGTATT	3060
	GCCAATAAAG TATTGATGTT AGAGAATAGT ACTTACTCTG TTATATCTCC TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT TATGGAAAGA CAGTAATTTG GCTAAAATTG CAGCTGAAAC AATGAAAATT	3180

55

	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTAC TTAGATCATT ATCAGGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
10	TAAC TAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
	AATTCAATAT TTA AACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTTCGT ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAGAAA TTCAAACATAT	4020
25	CGGTATTCCT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATT TGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
30	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTTCCTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGAGTTTTA GCATCACGTT TAGGTGGATA TCGGTAGAC TTATTAATGC aAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTGCACG	4740
	ATTAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAACCTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG aAAACTTAAT	4980

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT	5100
	TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA	5160
5	AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG	5220
	TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC	5280
10	TAACATTTC A GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCGGAAAT	5340
	TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTG AAATTCCACC	5400
	TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC	5460
15	AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC	5520
	AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTTATCTGG	5580
	TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT	5640
20	ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA	5700
	AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTGTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT	5760
	TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG	5820
25	TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT	5880
	TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA	5940
	CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT	6000
30	TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT	6060
	TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTG GTACTACGTT	6120
35	AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC	6180
	TAACTCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA	6240
	AGAAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTTGGTTTA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT	6300
40	TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC	6360
	TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT	6420
	TTCCATTTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT	6480
45	AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT	6540
	TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACTTT CACTCATATT ACTTTGAAA TTTATTATAA	6600
	AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG	6660
50	TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA	6720
	ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC	6780
55		

5 tCTTCGACTG GCACTGCTCC CTCAGGAGTC TCGCCATTAA TACTACGTAT TAACATGTAA 6900
 TTTTACTTTT ACATACTTTA AAAAAATAAA ACACTTTGCC CAACTTGAC ATAAATGTAA 6960
 AATTCATAAA AATGAATTTT CTGTGTTGGG TCCCTTCGTA TAATTTAATA AATACCACTA 7020
 AACTAAATTA ACGAGGTGCC TTATGTATAA AATTTATAAC ATGACCCAAC TTACACTACC 7080
 10 AATAGAAACC TCTGTTAGAA TTCCTCAAAA TGATATTTTCG CGATATGTTA ATGAAATTGT 7140
 TGAAACGATA CCTGATAGCG AATTCGATGA ATTCAGACAT CATCGTGGCG CAACATCCTA 7200
 TCATCCAAAA ATGATGTAA AAATCATCTT ATATGCATAT ACTCAATCTG TATTTTCTGG 7260
 15 TCGTAGAATA GA-AAAATTAC TTCATGACAG TATTCGAATG ATGTGGTTAG CTCAAGATCA 7320
 AACACCTTCT TATAAACTA TTAATCGTTT TAGAGTGAAT CCTAATACTG ATGCGTTAAT 7380
 TGAATCTTTA TTTATTCAGT TCCATAGTCA ATGTTTAAAG CAAAATCTTA TTGATAATAA 7440
 20 TTCAATTTTT ATTGATGGTA CAAAAGTAGA AGCTAATGCC AATAGATATA CATTGTGTG 7500
 GAAGAAAAGT ATTCAAATC ACGAATCGAA ATTGAACGAA AATTCAAAA CATTATATCG 7560
 TGACTTAGTT GAAGAAAAA TAATACCAGA GATAAAAGAA GATGGAGATA GCGATTTAAC 7620
 25 AATAGAAGAA ATAGATTTAA TTGCTAGTCA TTAGATAAA GAAATCGAAG ATTTAAATCA 7680
 TTCTATTGAG AACGAAGATT GTGCTCAAAT TAGAAAACAG ACCCGTAAAA AAATAACTGA 7740
 GATTAAGAAG TTCAAAAAGA AATTGTATGA TTATTCCGAA AGAAAAATA AATATGAAGA 7800
 30 ACAAAAATCG ATTCTTAAAG ATAGAAATAG TTTTCTAAA ACTGATCTGA TCATGATGCA 7860
 ACTTTTATGA GAATGAAGGA AGACCATATG AAAAATGGCC AACTTAAGCC AGGATACAAT 7920
 35 TTACAAATAG CGACAAATTC TCAAAAATGT TTTATCCTAT GACCTATTTC AA 7972

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3175 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

50 ATTTTITAGT TAATTGTCTT TCTTAAATA ATTTTAGCTT TCATTAAATT AAACAATTTT 60
 ACAAGCTTGG AACACCAATC AAAATCCTAA GTTCTAAAT GCAATATTAG TAGTCGTTGA 120
 CTGAATGAAC ATATGCTTAT AATATTTTTT TGCAATGCTA GTCAAGTTGA TTTATGCTCA 180
 CAAGGATATG CGATTATAT TTTCTTACAA CAATGAAAT GCCTGATACA ATGCGATCCT 240

55

EP 0 786 519 A2

	AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATTGTA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC	360
	CTTTTGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA	420
5	TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT	480
	GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG	540
	TTGCAGTAAT CCGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT	600
10	CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAa	660
	CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTG	720
	CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTC ATTACTTCTA	780
15	CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA	840
	TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGActAGCCG	900
20	CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC	960
	CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG	1020
	CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAE CTCGGTTTAT	1080
25	GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAATA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTCAT	1140
	AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA	1200
	ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG	1260
30	aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA	1320
	GGkTTAAATT CGTCTTAAAC GGtGCCTTCT kACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG	1380
35	kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT	1440
	TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA	1500
	TTGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA tACGTGTCTT TAAGTTTCCT	1560
40	AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTTGACAT CAAATGCAGT TGTATAAATC	1620
	TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA	1680
	TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC	1740
45	AATGTATTTA TTTCGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT	1800
	AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG	1860
	GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTTATT TAAAGCCTAG	1920
50	AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACGC ACGTGATCA	1980
	ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT	2040
55		

EP 0 786 519 A2

GTTGATTCAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTGTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTTA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAATT TACTACCACG TACACCAGCT 2340
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400
 10 CCTTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGTAACAT TTTAGGTGCT 2520
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTCACCTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTCCTACC TTTTGTAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTTACT 2880
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940
 TCTTCATAGT TTAGTGATCC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000
 TCATTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 702 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTCGCT TAACACAAGA GATGCCACAT 240
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAhAAAACC ATCGGCATCA TC 702

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGATAGT 180
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360
 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTGGA TTAATAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420
 35 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660
 TTATTAAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780
 TGAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960
 CGATAAATCA TAGTACCAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

EP 0 786 519 A2

	TTGTTTGGCA TATGAATGTC TTTGTAATTA TGGTTGTCTA AGTAATGACG ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA CAAATGTGTC GTAGTCATTC CAATCTGGTG TAATGGCAAA GTTGTATTTA	1200
5	GGTGGAAATTG CTGATGCAGT AGTCCACTCT AGAGTACGAC CAAGGCCATC CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT CACGTGGAGA TTTGAAGTGA CTGTATACGA TACTAACAAC AAGGAATAAG	1320
10	AATCCGATTG CCATTAATAA TGCACCGATA GTTGAAATTA AGTTTAATAA GAACCAACCA	1380
	TCTGATGGCA TATAAGTGTA TAAACGACGT GGCATACCAT CTAATCCAAG AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC AAACGTTAA TCCGATCATG AAGAACCAGA AGCACCATTG GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT TGTAACCCAT CATCTTTGGA TACCAGAAGA TTAAACCAGC TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC CAGTAACCAA TGTATAGTGG AAGTGAGCTA CTAAGAAGTA CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT CAGCTGATGC CATTGCTAAC ATTACACCCG TAACACCACC TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA ATGCTAATGA GAATAGCATT GGTGACTCAA ATGTAATACG TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA ACCAGTTAA CAATTTTACA CCAGTTGGAA TACCAATCAG CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA ATGAGTTGAT TAACGCACCA TTACCCATTG TGAAGAAATG GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC TAAGGAACGC GATACCGCA GTTGCCCATTA CCATACTTTG ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC GAGCGAATGT CGGGATAATT TCTGAGTAAA TACCAAATGC TGAAGGATA	1980
30	ACGATATAAA CTTCAGGGTG CCCCCATACC CAGAAGAAGT TAGCCCAAAG CATTGGCATA	2040
	CCGCCATGTG CAACTGTGAA GAATGCTGTG TCAAATATTC TATCAGTTGT CATTAAATGCT	2100
	AACGCTACTG TTAAAGGAGG GAAAGCAAGA ATAACAATTA ATGTAGTAAT AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA TTGGCATTG CATAAACTTC ATAGTTGGTG TTTTACATCT TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT TGATACCTGT AGCTAAGGTA CCAAGCCCTG AAATTTGTAT AGCTATTAAAG	2280
	TAATAGTTAA CACCCGGACC AGGACTGAAT TCACCTGCTA GTGGCGCATA GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG GTGAACCACC AATAATAAAT GACAGGTTGA ATAAAATCAT ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA AACTTACGTT GTTTAATACT GGGAATGCAA CATCACGTGC TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA CGATATTCCA TAAACCAAAG ATAAATGGCA TTGCCATGAA GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT GTGTACTAAA AATTTTCGTTA TAGTGGTTAG ATTCTAAAAA TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA ATTGCGCAGC AATAAGTAAC GCATCAATAC CACCACGGAC GAACATTAAT	2640
50	ACGGCACAGA TTAAATACAT AATACCGATT TTCTTATGGT CTACAGATGT GAACCATTCT	2700
	TTGTAAAGAT ATTTCCATAA TTTAAAGTAA GTAATTACTG CGATTAAACC AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC CAATTTGTGC CATTGTAATC ATcCAGTTAC CTTTAACTAG TAATTGATCC	2820

55

EP 0 786 519 A2

	TTGAAATTTT CTTCAATTCT TTCGCATTTT TCGATTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT	2940
	ATGGTTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG	3000
5	TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTGTCTGA TACATCTTA AACATATTTT	3060
	CTTCACTAGT GAAGTTTGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA	3120
	TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG	3180
10	CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTCT	3240
	TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTTC ACTAACGGCA TTTACTTTAA	3300
	ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG	3360
15	TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC	3420
	CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG	3480
	GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA	3540
20	AGAACCATTG GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG	3600
	GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA	3660
25	TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT	3720
	CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAT TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA	3780
	AACAAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTAATTGCTA	3840
30	CTGGCCCTTT TGCCTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC	3900
	CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACCTTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT	3960
	GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA	4020
35	AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT	4080
	TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T	4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9310 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50	CGAGTGAGTA CAmACATATT TTTATTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT	60
	ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC	120

EP 0 786 519 A2

	TTGGATTACG ATTAGTTGAA AAGTCGGTTA ATCAAGACAA TCCTTCAATG TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA CGAAGTAGGT ACAGCCGGAA CAATTTTAAG CTTTTTTGAA ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA GCAGCCAGGT ACTGAAACGA TTTATCGATT TTCATTATTA GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT TCATTATTTT GAAAAACGTC TTGAGAATAA TGGTATTAAG TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT TGGACAAGAA GGTGTTGTCT TTAAGATGA AGACGACTTA GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA TGATAGTTTT GAAGTACCAC ATCAATGGCA ACATAACGCT TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC ATATCAAATT TTAGGAATAG GGCCAGTCGA ATTAAGAGTT AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT AGAATTTTTG GAAAAAGTCT TAGGTTATCG CAAAAGAGAT AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT GACATTAGCA CCACAAGGTT TATATTCCGA TTTTGTAGTT ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG TGAAAGACCT GGACGAGGTT ATATCCATCA TATTGCAGTT AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA CTTAGATGCA ATTTACAAGA AATTACAACA ACAACCACAA AGTAATTCAG	840
	GTATAATTGA TCGCTATTTT TTTAAATCAT TATACTATCG CCATAATTCA ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC TGAAGCGCCT GGATTTACTA TTGATACACC TGTTGAACAA TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT GCCTGACTTT TTAGAAGCAG AACGTGAACA AATTGAAAGT AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG GAGAATGTTT AATGGCCAAA TTAGAAATGA ATAAAAATAC GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT ATTCCTTAGG TGATCATTTA TTGAATCCAT TGAAAGGTGA AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC GTATTAAATGA AATTATTGAA GCAAGTAAAT TAGCAGATGA AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG CAGTTGGTGA AAGTCATCAG GAGCATTTTA CAACACAGGC ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG CAATTGCCCA AGCGACAAAG CATATTAAAG TTTCAAGTTC TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAc AGATCCTGTA AGAGTATTTG AAGACTTCGC GACATTAGAT TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC CGAAATTGTA GCTGGCAGAG CATCAAGAAC AGGTATTTTT GACTTGTTTG	1440
	GCTATGATTT AAAAGACTAT GATGAATTGT TTGAAGAAAA ATTAGGTTTA CTTTtagagt	1500
40	TAAATAAAAC TGAGCGTATT ACTTGGTCTG GAAAATATCG TCCAGAACTT AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC AAGACCAATC GATAATATAT TGCCAATATG GCGTGCTGTT GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC TATTAAAGCG GGAAAACAAG GTGTGCCAAT GATGATTACA ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT GAACTTTAAA GGTTCATAG ATGCTTATCG TCAAGCGGCA ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc TTCGCCTAAG TCTTTACCAG TAAGTACAGC GAGTCTGTTT TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA GGATGCTATG AGAGAATTTT ATCCACATTT GAATACAGGG ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT TGGTTATCCG AAACAGCAAT TTGCTAATTC GTCAGATTAT CGAGAAGCGC	1920

55

EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTTAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATTT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTG TAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
	GATGTTGTAT	TTCGGTTAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
20	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAACTATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTTAAG	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TCACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTTGTCACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55

EP 0 786 519 A2

	ATTTTTAAAT ATAAATTTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcAAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
40	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTAAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTTA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTGATATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAGAAG CATTGGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGTCTTGC AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

EP 0 786 519 A2

	GTTGAAGGCG CACAAAAAAT TTATGACTTA TTAAACCTA TTTTAGAGAA AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG ATGATATCCA AATGAACCTC GATAAAGTGA ATCAATTATT GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA ACGGCGGTTA TGAGTCATTT GAAAAAGTAT CGAAGAAAGA CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG CTGTTAATGC ATTAGGAGAG CCACTAAGTA AAATGGCTGT GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA TGAACAAGTT AACGATAGTA CGCAATTTTC AAGACGTACA TTTTGTAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT TGGCGGTGCC GGTGTTGCAA TTGGCGCAAG TGGTGTGGT AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC AATGTTCAAT ACACCAGAAG ATCCGGAAAA AGATGCGTAT GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA ACCAGGCATT ACCACACCCA CGCAAAAAAC ATGCAATTTTC GTTGC GTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC AAAAGATAGA GATGCAATTA AGGCAATGTT TAAAAAGTGG ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT GATGGATGGT GATACAGTTG GCAAGCCGAG TAACAATCCT TTAATGCCAC	6180
	CAGTAGATAC CGGTGAATCG ATAGGATTAG GTGCAAGCAA GTTAACGATT ACCTTTGGGA	6240
20	TTAGTAAGTC TTTGATGAAG AAAATTGGGT TATCTAGTAA AATTCCCGAT GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA TTTCCGAAT GATCAGTTAA TAGACGATTA CAGCGATGGT GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG CTCAAATGAT TCGCAAGTAT CCTTTCATGC GGTTCAAT TTAGTTCGTC	6420
	CATTTGAGA TATTGTTAAG GTACGTTGGG CGCAATCTGG TTTTATCTCT GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC TAGAAATTTA ATGGCATTTA AAGATGGAAC AATTAATCCT AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA AGATTATGTG TTTATTGATG ACGGATGGGC GAAACATGGA ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG TATTCAAATA CACATTGAAA CGTGGGATCG TACTGCGCTG GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT TGGTCGAAA CGACATAGTG GTGCACCGTT AACAGGTGGG AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA CTTAAAAGCG AAAGATAGTC ATGGCGAGTA TATTATTGAT AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT AGCGAAAGAA GCAAATACGT CAATTTTACG TAGAGCCTTT AATTATGTGG	6840
	ATGGTACGGA TGACCGCACA GGTAACCTCG AAACAGGCTT ACTTTTTATT GCTTTTCAA	6900
40	AAGCGACAAA ACAATTTATC GATATACAAA ATAATTTAGG TAGTAATGAT AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC ACATAGAGGT TCTGCTTCAT TTTTAGTATT ACCAGGTGTT AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG TGAAACATTA TTTGACTAAA TTTGTAGCAA TGCTAATAAC TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT TTGGGTTACT GAAAAGTCAG GCAGCAGAAC AACAAAGTAT TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA TAACGGATGC GAAATCTGCA CTTTCTAATA ATTCGATATC GAATGACAAT	7200
50	AAGCAGAAAG CAATTGAGCA AGTGGTAAGT GCAGTTAAGA AATTATCGCT TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA ATGCTGTCAA ATCAGATGTG AGAAAGCTTG AAGATGCAAA AGCGAATGAT	7320

55

EP 0 786 519 A2

	GCTAGTAAAG ATGCGGGTTC TAAAATTAAA CTATTGCAAC AGCAAGTCGA TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA CAAAAGCGAT TAAAGATAAA AATAAAGCGG AATTAGAATC TTTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC AGATTTGGAC AAGTAATGAA ACAGTGATTC GCAATTATGA CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA TTGAAGTCGC ATTATTACAA CTTAGAATTG CAATTCATAA GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA AAGTGTCA CA TGCTTGGACA ACTTTTAAAT CAAATATTGA TCATGTCGAT	7680
10	AAAAAAAGTA ATACGTCTGC AAATGATCAA TACCATGTAT CACAATTAAA TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCGA TTAAAGCTAT CGACGACAAAT CAATTGTCGG ATGCTGcaTg TCGGCTTACA	7800
	CATTTTATAG AAAC TTGGCC GTATGTTGAA GGTCAAATTC AAATAAAGA CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA TTGAAGATAA AATACCATAT TATCAAAGTG TATTAGACGA ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA AAGATGGTTT AGTAGATTTA AATAACCAA TTAAGAGGT TGTGGCCAT	7980
20	AGTTATAGCT TCGTCGATGT GATGATTATC TTTTACGTG AAGGGCTAGA AGTGTGTGTTA	8040
	ATTGTAATGA CATTGACTAC CATGACGCGT AATGTAAAAG ATAAGAAAGG GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG GTGCAATTGC CGGACTTGTA CTGAGTATTA TCTTAGCAAT TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG GGAATAGTGG CATTCTTCGT GAAAGTATGG AAGCGGGATT AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT TAATGTTTAT CGTTGGTGTT TGGATGCACA AACGTTCAA TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA TGATTAAAA TATGTATGCT AATGCGATTA GTAATGGTAA TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA TTGGTTTAAAT ATCTGTGTTG CGTGAAGGTG TCGAGGTTAT CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA TAGGTGAGCT AGCGACCAA GATTTTATTA TTGGTATTGC TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA TCATCTTTGC ATTATTATTT AGATTATAG TTAAATTAAT ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA GACTGTTGTC GATCTTTATT TTTATTATGG GATTCAAAAT GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA AGTTACAATT ATTAGGTGCG ATGCCAAGAC ATGTTATTGA AGGATTCCCA	8640
	ACGATTA ACT GGTGGGCTT TTATCCAAGT TATGAACCAT TGATAGCACA AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG TTGCTATCTT AATCTTTAAA TTTAAAAAAT AAAAAACAGG CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTTG TTGCTATATT GGAAATATTC GGTATTGCAG TATAACGATA ATCACAGCAT	8820
45	TGATTCGTAT AAGGTTAATG TGTTGGCGGT TTGCCTCGGC ATGTGAACTT AACGATGAAC	8880
	ATACTGAACT CAAAGAGCAA TATGAGTGGC AATGTGAGTA ATATATTTAA TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA TGATACTTGC TAATACAAAG CAAGCGAAAT AAATATATTT ACGrTAATGT	9000
50	TTCAATGATG TGGTATCTAT AAGACCGAAT TTTGCAAGAC CCATAAATAA TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA GACCAAATGT GAATAACCAA CGTATGAGTT CAATCAAATA TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCAC 9300
 5 AATGATAAA 9310

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

10 (A) LENGTH: 3458 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTG AAGCTGAGTT 120
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180
 AAGTATTTTA AAAAGTTTGT GTATAAAAAC AACAGGTAAT AACCTGACT TAATTAAACG 240
 25 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300
 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420
 30 CGATGATAAA GTTGCAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTCTA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540
 AGATGTAAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600
 35 GAGAGATTTT TTAATAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTATAT AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020
 TATTGATATT CGAAGTGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080
 50 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140
 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

55

EP 0 786 519 A2

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
10	GAGTGATATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCCT	1560
	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAAAG	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAAC	1860
20	AATCATTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTAAAA TAAATATAA GGTCAACGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTTG TGTTTCAAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAACA CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTaaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAgg CCCCTAAmaa CTAAAGTTGT AAGGGGCyCT	2340
35	AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
	TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAA	2580
	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAACAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55

ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATTCCG 3180
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTATTAAAT AATTGTGGTT TAGCATTTTT AAATGCTGAT 3420
 TTAAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 695 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60
 ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAAa 120
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGAcG 300
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACTTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTTGTGA TGCCTGAAAT 420
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGACAGT 480
 TAGTAACATC TTTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540
 40 CTTCGTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTAACTT CCTCTTCTGT TTyCTTACGT CCAGGTAATG 660
 45 GAATATCAA TTyCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 875 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

5	AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACcTAA TGCAAATAAT	60
	AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGATAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC	120
	GCATTCAAGA AATTTGATAG TCATTTGCTA TCAATTTTCAAG AAATATATTA TGAATTGCTA	180
10	AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG	240
	AAGtGCAAGT AATTTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT	300
	GAATTGGTGA TTTATAAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG	360
15	TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG	420
	TGCAAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA	480
	GGAGCATAAT GCTGTTCCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT	540
20	TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA	600
	TAATTTAACT ACTTCAAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT	660
	TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC	720
25	TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT	780
	ACAAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT	840
30	AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAKGTAAC TGAAA	875

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5897 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

40	TCTTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT	60
	AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTGAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC	120
45	ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA	180
	TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT	240
	AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTTA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT	300
50	GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT	360
	ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT	420

EP 0 786 519 A2

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATT C AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCTTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
	CTTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
10	AACCATCCAG TTAATAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATT C GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCATTA	900
15	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTC AATAC	960
	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGA CTGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAAATACA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
35	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGCGGTATT TGT CATAATG ATGAAGAATT	1620
	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAA AATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCCCTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAACT	2220
55		

EP 0 786 519 A2

	TTACCAAATG	GTGAAAGCTT	CGATCTTGAT	TATATTAAAG	AACGTATTTTC	ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT	TATTTTTCAT	CGGCGAACAA	TTAGAAGAGG	CACAACATTA	GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC	TCAGATTGAT	TACTTCTTCT	TACACAAGTT	CCAAAACATT	ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT	AAAAGAGCAT	CAAGGTGATT	TAGAATATCT	TAAATATGCA	AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA	TAAAACAATA	GCGCATCGCT	TTAATATGAC	GGAAGAAGAA	GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA	AAATGATATT	AAACCTGTTT	ACAAGATGGT	TGATACTTGC	GCAgCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC	AACACCATAT	TATTATGGTA	CATACGAAAC	TGAAAATGAA	TCCATAGTTA	2700
15	CTGACAAAGA	AAAAATCTTA	GTATTAGGCT	CTGGACCAAT	TCGAATCGGC	CAAGGTGTAG	2760
	AATTTGACTA	TGCGACAGTT	CACGCCGTTT	GGGCAATTCA	AAAAGCAGGG	TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA	TAACAATCCA	GAAACAGTTT	CAACAGACTT	CTCAATTTCT	GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC	TTTAACTGAA	GAAGATGTGA	TGAATATCAT	TAATTTAGAA	AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT	ACAATTTGGA	GGACAAACAG	CGATTAATTT	AGCAGACAAA	TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA	AATACTTGGT	ACTTCACTAG	AAAATCTAAA	TCGTGCTGAA	GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC	ACTATTAAGA	AAAATTAACG	TGCCACAGCC	ACAAGGGAAA	ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA	AGCATTAGCG	AATGCTGCAG	AAATCGGATA	TCCGGTTGTA	GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT	AGGTGGTCGC	GCAATGGAAA	TTGTAGACAA	TGACAAAGAG	TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA	GGCTGTAAAA	GCGAGTCCGG	AACATCCGGT	ACTAGTCGAT	AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA	AATTGAAGTT	GATGCGATTT	GTGATGGAGA	AACGGTCATT	ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA	TATTGAACGT	GCTGGTGTGC	ATAGTGGTGA	CTCAATCGCT	GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTTT	GACAGAAGAC	GAGTTAGCAA	CACTTGAGGA	CTATACTATA	AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA	CATCATTGGC	TTAATCAACA	TTCAATTCGT	TATAGCTCAC	GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA	AGTAAATCCA	CGTTCTAGTA	GAACGGTACC	ATTCTTAAGT	AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT	GGCACAATTA	GCTATGCGAG	CAATCATTGG	GGAAAACTA	ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA	AGGGGTTCAA	CCATATGCTG	AGGGTGTCTT	TGTGAAAGCA	CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA	ATTGAAAAAT	GTTGATATTA	CTTTAGGACC	TGAAATGAAG	TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG	GAAAGATACT	ACATTAGAAA	AGGCGTTATT	CAAAGGGTTA	ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT	TAAAGATCAC	GGTACAGTAT	TAATGACCGT	CAGTGACAAA	GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTTAA	ATTGGCACAA	CGCTTAAATG	AAGTTGGCTA	TAAAATTTTA	GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA	TAAATTAGCT	GAGTATGACA	TACCTGCAGA	AGTAGTAGGC	AAAATTGGTG	4020
55							

	TGACTAAAGG TAAAGAAGTA GAAAGGGATG GCTTCCAAAT TAGACGTACT ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC ATGTTTGACA TCTTTAGATA CAGCTAATGC CTTAACGAAT GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT TACAATGCGT CAAATGTAAA TCAATCAAAC TGTATCGGTG GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA CTTAAAGAAG TTTATATTAC AGCCTCATT A TTTTAATGAA TTTCTTAATA	4320
10	TAAAGGGAGA CaTATATGAT GAAAGATTTA CCAATTATTG CATTAGATTT TGAATCAAAA	4380
	GAAAAAGTAA ATCAATTTTT AGATTATTTT GATGAATCAT TATTCGTAAA AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT ATCAAGAAGG TCCTCAATTA ATTAATGAGA TAAAAGAAAG AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG ATTTAAAACT GCATGATATT CTAATACAG TTGGTAAGGC GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT TGAATGTTGA TCTGGTAAAT GTTCATGCTG CTGGTGGCGT AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA TTAAAGGATT AAGAAAACAT AATCAAGATA CAAAAATTAT TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT CAACAACAGA AGACATGTTA CGACACGAAC AAAATATACA AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG TTTTAAATTA TGCCAAGTTA GCAAATGCAG CTGGTTTAGA TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACCTC TTGAAAGTCG TATGTTGACT GAAAAGTTAG GTACATCATT TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA TTAGACCTAA AGGTGCATCT CAAAATGACC AACACCGTAT TACGACACCG	4920
	GAAGAAGCAA GACAGCTTGG TTCGACGCAT ATTGTAGTCG GTAGACCGAT TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG TCGAAAGTTA TCATAAAATT AAAGAAAGTT GGTTAGTATA ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA ATCATTATTA GATATTGAAG CTGTAACATT ATCACCAAAT GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC AGGTATTAAA TCACCGATTT ACTGTGATAA CCGTGTTACG TTAGGTTATC	5160
35	CTTTAGTTCG AGGCGCAATC CGCGATGGTT TAATTAACTT AATTAAAGAA CACTTTCCTG	5220
	AAGTAGAAGT TATTTCTGGT ACTGCAACAG CTGnTATTCC ACATGCAGCT TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA ATTACCAATG AATTATGTTC GTTCATCAAA TAAGAGTCAT GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA AGGTGCTAAA AGTGAAGGTA AAAAAGTAGT TGTGATAGAA GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG ATCTTCAGTC ACAGCAGTTG AAGCCTTAAA ACTAGCAGGT GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT AGCTATCTTT ACTTACGGTT TGAAAAAAGC AGATGATACA TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC TTTTACACT TTAAGTGATT ACRATGAATT AATTGAAGTA GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT TTCTAGTGAA GATATCCAAA CATTAGTTGA ATGGAGAGAC AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA CTAGAAGGAG GAATTCAACA AATGAATGAC AAAACATCTA ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA AAACATTGTA ACGAATTTAT CAATCATTC AATGATTCCA ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT GTCGACGAAA GTTCAACGAA GCAAAAACAT ATAAAAATA AAACAACATAT	5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 7965 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTTAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTCTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATTT CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACCTGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGwCATCTA CTAATATnAC TTTGTTCATG GGTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCAGTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTTAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAATG CTCTGTATAT GTTTTCTTCG ATTTCAATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACCTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTT ATTAACGGCA	1080
	TTTGTACTCG TttCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATTG GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTTGCCG CTTCTTTTTT ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCCA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

	1440
	1500
5	1560
	1620
10	1680
	1740
	1800
15	1860
	1920
	1980
20	2040
	2100
	2160
25	2220
	2280
	2340
30	2400
	2460
	2520
35	2580
	2640
	2700
40	2760
	2820
45	2880
	2940
	3000
50	3060
	3120

55

EP 0 786 519 A2

	CCAAACTTTA TTTTATATTA ATATTTAATT AATGAGGATC TACCATATCT TCTGGTTTAA	3240
5	TCCATGCTTC AAATGTGTTCT TCTGTAACAT ATCCAGTTTG AATTGCAGAT TCTTTTAAAG	3300
	TTAAACCTTC TTTATGGGCT TTCTTAGCAA TTTGAGCTGC TTTTTCATAA CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC AGTAACTAAC ATTAATGATT GATTTAAATA ATTATCAATA TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT GCCCACTGCA CAATTGTTAT TAAATGTTTC CATACCATCA GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG TAGTGTTATTA TGCATAATAA CTGGTTTATA AACATTCAAT TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAAC TGC GAACCAA CAACTGTATC ATTACCCATT ACTTGACTG CnACCATTGT	3600
15	TAACATTTC CAATTGTGTAG GATTAACTTT ACCAGGCATA ATTGATGAAC CTGGTTCATT	3660
	TTCAAGGATA GAAATTTCTG CCAAACCAGC TCGTGGCCCT GAAGCCAACC ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT TTCATTAAGT CTCCTGCTAA TGCCTTCAAT GTTCCATGCA ATTGAACAAC	3780
20	TTTCATCATGC GCTGTAAGTG CGTGGAATTT ATTTTCAGAA GATACAAATG GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA ATATAATGTG CCACTTTATC ACCAAATTCA GGATGCGCAT TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC GTACCACCGA TGGCAAGATT TAAATGTGC TTCTTAGATT CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA CGGTCAAGCA TATAACGCCA GCCACTAATC TCTTGTCTTA GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT TGTAATGTG TACGACCAAT TTTAATAATT GAATCAAAT TATCTTCTkT	4080
30	TTCTTTCAAA GTATTTCTTA AAAGTTTAA TGCAGGTTCT AATTTTGTTT CAACCTCTTG	4140
	ATATAATGCA ACGTGCATAG CAGTTGGGaa TGTATCaTTC GaACTTTGAG ATTyATTAC	4200
	ATCATCATTk GGGTGGATAC TTTCACTACT TTGATGATCT TTTAAATACA TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT ACTTCGTTCA CATTCAATTT ACTTTGTGTA CCGCTTCCTG TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG AAGTGTTTCA CTAATTCACC TGATAAAATT TGATCACATG CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC TTTGCCTCGC TTAATTTTCC TAAATCAAAA TTAGCTATTG CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT GCAAAACCAT AAACACTTTC GATTGGCATA CGCTCTTTAC CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA CTCTTTTCTG TTTGAGCACC CCAATATTTA TCTGCAGGTA CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA TCATGTTCAA TTCTTACTGA CATTCAATTT CTCCCCTTAT CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG TATATCATTA AATAATTTAA TTGAGCAATT TATGATTAAA ACGTTTTTAT	4680
	AATTTGAAAT AAAAATACAC TAATCGCACG TGTTACCCTT TTATTACAGT GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT GTGTTATCTA TCATTATTTA GTTATTATTG AACTAAGTTT AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA GTAGCTTCAA CCGTAGCAAT AGCTGTAAGT ATATATAATA CAGCACTAAC	4860
	AATTGTGCTA TATGGATTTA GAGCAACAAG CGTaCCTAAA ACTCCTGTTA AACTCGCATA	4920

55

EP 0 786 519 A2

	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTTGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCTTCAATA	5220
10	GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTCATTA AAAATATTAC	5280
	TGATAGATGA CTTCTTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTTAAATTTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
15	TTTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCTTTTC TTGATCATT	6000
	TGATCAGAGA TTTGTTCCaT TTCTTTACCT AATTCTTTTA AATCTTCAA ATCCGTTACC	6060
35	ATACTGTTTT CTTCTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
	ACCTCACAGA TTTTTAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TCTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720
55		

5 GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTAAACATGC 6840
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900
 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCAATAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTCTACTCA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020
 10 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080
 TGTCTATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200
 15 CAAATTCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260
 GAGGTTTAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTTACCAGT 7320
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACTTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG 7500
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560
 25 CTTCAITAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTCGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620
 AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGT TGAATTCTTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG 7680
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740
 30 TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1302 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

50 GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60
 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTAAAG AAACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

55

EP 0 786 519 A2

	TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA	300
	AAATTTAATT ATCAGTGC GA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT	360
5	TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG	420
	ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT	480
	CGTTCACGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA	540
10	TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA	600
	TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG	660
	AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC	720
15	TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA	780
	AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG	840
	TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA	900
20	CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA	960
	TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAAATAAT CTGTAGAGGT	1020
25	TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA	1080
	AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA	1140
	GSTATGAAAT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAA GGTATTTCTG CAAGTCAACT	1200
30	TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG	1260
	TAAACTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC	1302

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1003 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45	ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT	60
	TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTGTACTG CTTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG	120
	TTACTAAAAT TCTTTCATGT TCGATTAAC TAAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT	180
50	TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA	240
	ACAAAGTACC ATCGTTCACT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG	300

55

5 GATAGCTTTC TTTGTTGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420
 CTTTAACACT ATCTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480
 CTGTAATTGT AGCACCAAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTCT GCTTGCCAAG 600
 10 TAAAATCATG TGCTTGTA CA GCGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660
 CGATAGArAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780
 15 CAATTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGATc GACTGTAGCA CTTGATAATA 900
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960
 20 TCTCATAATC ACGCGTaCCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 25 (A) LENGTH: 5030 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

35 GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60
 AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180
 40 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240
 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTAATGGC ACGCCCATTA 300
 AAATTACGGT nTTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACcTA AGCCATGTAA AAACGAGATT 360
 45 ACACGTCAAT TGTTGTGTAA TCTCGTTTTA ThTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTCA 420
 ATTTGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTTACAGT TACTTGTTTA 480
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTTAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTTGGCTT AACGTTTCGA 660
 55 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

EP 0 786 519 A2

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAACTAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTTGC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCAG GACTTTTTCA AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTC ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATACCCAAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCGAATA CTGTCCACCA GGCATTTTCA GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGA TATCACTTTC AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGACT CCATACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACTCTTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAAATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCCGT	1860
35	TCTTGTAAGT CTTTATTGGC AACTTTCATT TGATCTACCC AGTTTAAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGTAAGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCCTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTGG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTC CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

EP 0 786 519 A2

	TTAACACCAC GAATACGCAT TTCTCGTAAT GAGCGTACCA TTTTCTTCTC TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG CGTGTGTAGA TAATTTTACG AGTAATGAAT CATAATAAGG TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGG AACCATCTCC AGCATCAAGA CGTACACCAA AGCCCCGCT TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG TTCCAGTATC CGGCATGAAA TCATTTAACG GATCTTCTGT TGTAAATACGA	2820
	CATTGGATGG CATAGCCTAA TGTTGTAATA TCTTTTGTGTT GCGGCATATT AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT CGGCACCTGC TGCAACTAAA ATTTGTGTCT TAACAATATC AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG TAATTGTATG CTCTACTTGT ACACGAGGGT TAACTTCTAT AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG ATACTAGAAA TTCAACAGTA CCTGCATTGA CATATTTAAT ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG CAGCATCACA AATACGTTGA CGTAATGTTG ATGATAATCC AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA CAACTTTTGT ATGACGACGT TGTACTGAAC AATCAGTTC AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT CATGTCGTC ACCTATGACT TGTACTTCAA TATGCTTTGG ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA TGTAACTTC ACTATTACCA AATGATTTTT CAGCTTCTGA TTTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT CTTCTAATTC ACTTTCTTCA CGAACGATTC TCATACCTTT ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG CTTTAATCAT TAGCGGGAAA CCAGCTTCTT CTGCAAATTC TTTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT TAATTGGACC GTCTGTACCA GGAATAACTG GTAAATCTGC CTTGATAGCC	3480
30	GTTGTACGAG CTTTAACTTT ATCTCCAAAC ATATCTAAAT GTTCTAAATG AGGACCAATA	3540
	AATTTAATTC CTTCTTCTGC ACAACGACGC GCAAATTGTT CATTTTCACT TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT GAATCGCATC CACATTGCTT TGTTTTGCTA CATCAATGAT ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC TTTCAGCAGG ACCTAAATCA CTTCCAATA AATAGGATTC ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA ATGAACTTTT GTCTTCATTC GAATAAATTG CAACTGTGCT GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG CTCTGAATAT ACGAATTGCA ATTTCTCCAC GGTTAGCAAC AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT TCAATAGCGA TACACTCCTC AAATATTAG AATTTTCTAA CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT TATCTTAAAG CGCTCTGTTT TGCTATAGTt mTGTTTCmAA TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT tGAGACAATT AAAaCCyCCG CTTcmGaAAT AATAATTTCa AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA GGTAGTTCCA CGTTTTTGTT GTGAAACATT TTCGATTCTT ACAACTCTAA	4080
	AAAATTAAAA ATAAAATTGC AAAACATCAA CATTTATTAT CAATAGCGAT AACTTTATCT	4140
50	TATCATEATG ATTCTAATTT CGCCACCACA TTTAGTAATT TTTAGTCATA AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC GTTGTTTTGT TTATAAAATT TGATAATCak GAGTAATCtC GTAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG AAGTTAAGCG TTGTTTGTT GcCTAACTTC CGTTATTGAA CTCATCcAGT	4320

TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT 4440
 TGTGTGTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTGTGT TACCTACAAT CAGAAGTAAA 4500
 5 CCCATAGCAA TACTTAAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC 4560
 ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA 4620
 AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA 4680
 10 AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT 4740
 AAACCTAATT CTTTCGCAAAT AATTGCAAAA ATAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG 4800
 CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA 4860
 15 AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCGA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC 4920
 GTACTAAATC TGGCAGTTAA ATAACCTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT 4980
 20 ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT 5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1389 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

CTGTGTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA 60
 35 ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT 120
 TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGaACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT 180
 TTGCATATTA TAGATCAAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA 240
 40 ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC 300
 AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT 360
 AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA 420
 45 AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA 480
 ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTTAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT 540
 50 ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT 600
 GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA 660
 AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCGA 720

55

EP 0 786 519 A2

	ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG	840
	CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG	900
5	AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG	960
	GCCAGTTGCT TATACAACATA TGGATGACAC TAACTTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT	1020
	TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT	1080
10	TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA	1140
	GAGAATGTTA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC ACACTAGTAG GGAAGAACT	1200
15	TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAAATGAA	1260
	GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG	1320
	GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT	1380
20	TTTTATTTA	1389

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
25	(A) LENGTH: 2746 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

	TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT	60
35	AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACAACAATT TGCTGGTTAT	120
	GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAaCTT	180
	TTaAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAAG	240
40	ACGGTAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT	300
	CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCTT CATCGCTAAA GATTTAGACC	360
45	AAATTAAAGA TAAAnATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGAAAAGGG KTTTATTTTG	420
	aAGAAGATGG cmAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGAnA	480
	AAGAAAGTGC TAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAaACAAGA GTTaAAAAAT ACAGTAACAC	540
50	CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAaGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT	600
	TAAAAAaCTT CAAAATTWGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTCAGTA	660
55	TGGCAGCATT ATTAAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC	720

EP 0 786 519 A2

	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCAÇAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GCGGTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAaTTATCAA	1020
	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
10	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACTTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCCTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
	GACTTAATAT CATATTCAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
30	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTTGTGC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
45	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTTCA	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAGGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640
 TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700
 5 GTTGGTACTT TAATTTCTnT CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 900 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CAAAATTGA 60
 20 AGTTTGAATT TAAAAGCAT CTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAA GAAATTCATT 120
 TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTTATAGTG TGTAGTATAT 180
 GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240
 25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300
 ATATTCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTG AACACAAAGG 360
 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420
 30 ATTGGAAAT GGAAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480
 ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540
 35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACCTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600
 ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAA ATGAATTAGG 660
 ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720
 40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780
 AGTTACATTA TGTGATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840
 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATCTGAnTnG AGATAGTGAT AATGTGTCAC CcAATTTTaA AcCtTTATTT TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA CaCtTCaTTa TcTtTAGtCG cTTTATGcCC tTcTATTAAA CtCGGaActA	120
5	AAAATGaTGa CtTTTCAACa CCGAACaCTA AAACaTTGtC tTTTTGATGG CCaTTAGACA	180
	CAATTTCCCC TGTTTGCTTC AAAGTAGCTT GCTTCTTGTA TTTATTTTCA ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC AGATTGTTGC ACAGTTTGAT TGGCATCTTT ATTTAGAACA ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT ATCAATGCCT TCTTTATTCA TATTGATAAG ACCATTGCGC AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG CAAGTAACTA ATCATCGTTA ACACACCAAT AATTAGTCCA AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG TATTTcATTc CAAGCTAAAA ACATGCATTT CTCTCCCTAC TACTATGATT	480
	TAAACATTGT TTATATTCTT AGATGCACGT ACGTCGTGTT GCGCTCTGTA ATGTTATACA	540
	TACACTTATC CTTcATTATA CCCGAACTTT TTATATTAAA AGCAAATTTA TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT CTATTATTTT TGTACGGTAC ATTTAAAATT AAGGATCAAT TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC CTTTAAGTAC ATGTAGACGT CCAATTCATA TATTATTTAA CTTCGCCTGT	720
	TTTAGGATCG AATTGCTTAA TAGCATTTTT ACGTAATTTA TCTTTTGCTT TcTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA TTGTTGTAAA TCGTAGCTTC CCAACTACCA TACATTGGGT TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTc TTACCGAAAT CGTCTTTATG TTTTTCaATT AATGCTTCAC GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT TTTGGATCTG TAAAGTCTAA TAAATTATCT CCAAATAGCA TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT TGAACCATTT GTCTGCGTGA TTCTTTACTC TTATCATCTT TACCTTTTAG	1020
	TAAAATATGA CTCTTCTTAG CTGAGGGAT ACCTTGTTGT TTTAAGTTCT TTTGTGTTGC	1080
35	CTTTAAATCT TTTTCTTTAT CTCTATCAGA AATATAGTAG ATATCGACAC CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTc AAGAATTCTT TTGCGCCATA GACAGGTTTA GCTTTAGCAG cTTGTACCCA	1200
	TTCATGCCAA CCTTCTGGGA AAGGTTTATT ATGTATTGAT GCATAGCCTT GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA ACTGTTTCAT CTAAATCCAA AGCAATAGCT AACTTATGTT TACCTTTATT	1320
	CTTTTTAATC TCTTTATCTA ACTGTGTCTT TGCACTGTTA TAACCTTGTA AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA GCTGAATTTT GATACCAAGC CACTGCCATA ATATTTTGAT TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT GATGCTGGTA TAGAAGCTTG TTGCGTTTGT TGAACCTCAG CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT GTAGAATTTG TCGTTTGTGG TGCTGAAACT GTAACCGCTA CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA ATATACTTTG AAATTTTATT CATCTTATCA CCTCATGATT AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA AATTATAAAT GCATTTATTT AATATTGCTA TACTATGAAA AGATATTTAA	1680
55	TATTATTTCT TGgAAAAGCT AACAAATATG TGAACATTTc ATATAAGCAT GATTTAATGG	1740

EP 0 786 519 A2

GTGACTAGGC CTTCTATCA GACATATTCA CTCATCCACG TATCATTATG TGTACAGTGT 1860
 GCTATCTCTT ATTTACCTAT TGGAAACAACC ATAAACTCAT CCATAGTTTA CCTTTTATAA 1920
 5 ATAGCAGTCC TCACTCATAC AATTTCTCAT AAAAATCACA ACGCTCCAAC GTATTTCCAA 1980
 CTTACTTTCA CCTATTTTAA TTCATAAAAA CGACACTTTA ATTGTCATTA TCCAATAATA 2040
 GCAAGACGTT ATTATTGCAA TCTTTTTTAT AAAATAATAG AATCATAGTA TTGTCATTTA 2100
 10 AAGATAAAGT AAGAACGTTT TTATTTTTCa GATTTTAA ATTATTATGA ATATCTAGTT 2160
 TTAGGAAGGA AATTACATTG AAAAAACAAG TTATTATTTT GGGCCTCATG TTATTTTCAC 2220
 15 TATTTTTTGG AGCCGGAAAT TTAATATTCC CGCCCATGCT TGGCCATACA GCGGGTCAAA 2280
 ATATGTGGAT TGGTATGCTA GGCTTTGCCC TTACAGGCAT ATnACTCCCC TTTATTACTG 2340
 TTATTGTTGT TGCATTTTAT GATGAAGGTG TTGAAAGTGT AGGCAATCGT ATACATCCAT 2400
 20 GGTTCGGGTT TATTTTTGCT GTCGTGATTT ACATGTCTAT CGGAGCATTT TACGGTATTC 2460
 CACGTGCTGC AAATGTCGCG TACGAAATTG GTACAAGACA CATTTTACCT GTGCATAACC 2520
 AATGGACTTT AATTATATTG GCAGCAATCT TTTTGCCAT CGTTTACTGG ATTAGTTTAA 2580
 25 ATCCATCGAA AATCGTTGAT AATTAGGTA AATTATTAAC ACCGTTATTA CTATTAATGG 2640
 TCGCTCTATT AAGTATTGCT GTCATTTTCA ACCCTGAATC TGCACTAAGT GCACCTAAGG 2700
 30 ATAAATATAT AACACATCCT TTCATTTTCA GAAGTTTGGA AGGCTATTTT ACAATGGATC 2760
 TTGTTGCTGC GTTAGCTTTT TCCGTAGTCA TTGTCAATGG CTATAAGTTT AAAGGCCTCA 2820
 CAGATCGCAT GAAAATTTTA AAATATGTCT GCTTTTCAGG TCTTATTGCA GCCATATTAC 2880
 35 TTGGAATGAT TTACTTTGCA CTGTCATACG TTGGGGCATC AACAGCTCCA GGAAACTTTA 2940
 AAGATGGTAC AGATATATTG ACGTACAAC TATTACGATT ATTTGGTTTCG TTCGGTAACC 3000
 TCGTATTTGG AATGACGGTT ATCCTTGCA TGCCTAACAAC ATGTATAGGA CTCGTCAATG 3060
 40 tTGCGCCACA TTTACTAAGA AACACGTACC TAAGTTTTCT TATAAAATAT TCGCACTTAT 3120
 TTTCTCTATC ATAGGGTTCT TATTTACAAC ACTTGGTTTA GAAATGATTT TAAAAATTGC 3180
 TGTCCCATTA TTGACTTTAA TATATCCCGT GTCGATTGCA CTGTACTCA TATCATTTGC 3240
 45 TAACATGTTT AGCACATTCA GATTCAGTTG GGCCTATCGA CTCGCAACTG TTATTACATT 3300
 GATTATTTCA ATTTTACAAA TACTAAATAG TTTCAACTTA TTACACGGTG TTATTTTGAA 3360
 50 ATCGTTTATG ATGTTACCTT TAGCAGATAT CGATTTAGCT TGGCTTGAC CATTCATGCT 3420
 CTTTGCTATT ATCGGTTTCA TAATCGATGT ATTTATACGC CGTCCGAAAC AAGCGACAAC 3480
 TTAATAAATG CTCACTGCCT AGTAATGATT GACCCATCGT TACTAGGCTT TTtATATGA 3540

55

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

5

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAATTCA AAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAAGTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTCCTTG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTTAT ATAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTC ATTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCAGT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTA TGAAGTAATC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAACCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAATAAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

EP 0 786 519 A2

	TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT	1440
	AACAGAAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTTGGT	1500
5	CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG	1560
	ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA	1620
	AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA	1680
10	GATGTTAAAG TTAaaaaagg TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA	1740
	ATTGTTAAAG TTAaaaaagt TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT	1800
15	CATGACATGG GCAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT	1860
	GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATTT	1920
	TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTTCGCC	1980
20	TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTTCGCC	2040
	TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTTCGC	2100
	CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACCACTGA GGTCACCTACG CTTCCGTTTCG	2160
25	CCTGCGCTTT AncATGGCCA TAAAAGC	2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

	CCnCCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT	60
40	GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT	120
	CTTTTTCGTC ATATTTCACT TTTAAATAAA TGA CTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA	180
45	TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT	240
	GGAAATGAA AAAATTTTTA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC	300
	ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC	360
50	AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTA CTAAACAT TAACAAAATC	420
	GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAA CACCTTTTTA TACAGGACGC	480
55	ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTA ATGCATATAA TACTGCTTCT	540

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAAGTCTT GCTTTTCGTC CACTATAAAT CGTACTACTT 720
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTGTGT CAATTTTAT CAATTCATCG 960
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACTTT TGCCCCCTCT 1080
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTG ATTCTTTTTA TTTTTCAGG 1200
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320
 CGTTGCTTAT ATTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTCTT TATTGTAAAA 1380
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAGA 1500
 30 ACCGCATTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTCGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGATATTT 1680
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGGAAGGATT CTAATATCAT 1740
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAACAACAAA TGGGTCTTAA 60
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120
 55 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAAACT AACCAAAAAGA TAAAAAAGAG TATTGATTTT 300
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480
 10 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540
 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGGCGAA CCAAAACAAA CTAAAGTTGC 720
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGCCTATTAT CGAAGGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAAT GATTGATTTA 960
 TTCATAAGAT TAATTCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020
 25 GGAAATTCCG CTAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140
 30 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200
 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 40 (A) LENGTH: 5136 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATTCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TkACTTCATC 120
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCTTC 180
 55 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240

EP 0 786 519 A2

	CTTAATCTTC TGATTGCTT TKTCTTTGCG TTCCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC ATGCACTTGT CCGCKTskTT TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT CTTTTTCATC AGTACCAATC ATCGTCTTAG CCTTATTAAT AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAA	600
10	AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA GGATAGTGCG TCGTTGCCAT TACTAGAGAA	720
15	CCAATTTTTT TAACATGATC TAAATGCTC ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT AACTATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT TCGTCATATG AGATGAAAAA GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTTAAAT AACTTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG TATTCGGTCC TGTAATAATT ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTTAAT AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT	1200
30	GCGATTAAAA AATCTAACTG ACCCATGACT TGTTCTGCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC	1260
	GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTTAAA ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC TAATTTGATT ATTCATTTCA ACAACTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC CCATTAAAAT CTGTCTGATA TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA CGTTTCTTTC ATTCTAACT GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGGC TTTTAAACAAT ACGGTCCAAA TTTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT TTATTTGTTG AAAAAGATCA GTTAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC	1680
45	TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG	1740
	AATTGATTTT GTACTTGAAT TAATCTTTTT ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT CAGCGCGATG AATGAATGCT GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCACATAA	1980
55	GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTTT TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT	2040

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTTACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
	TCACATTTGG ATATTTACGA ACATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTC GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTCGCTAC	2820
25	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTGTTCAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTGTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCAATAA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080
 TGAAC TTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTACCTT GTTTTAAAC 4620
 TGTGTCATTT ATAATTTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680
 25 TGACTGGATA GTTTGCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740
 AACACACAA TCTCTATAGA TGACTTAATG TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA 4860
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTACAAC ATACATAAAT 4920
 GTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040
 CATTAAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136
 40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCCTTTGA ACAAATCTAT TTTAAACGCA CATTCCCATT 60
 ATGACAAATT AAATGTGAGT nACAATTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAAC 120

EP 0 786 519 A2

	GGTATCTTTC AAAGATAAAA TCTTAATAAT TTCTTAGTAA ACTCTTTTCT CTAGATTTAT	240
	CACAATATTA TATAGACCTA TTTTATTTTG ACGTAAGTTG CTAGTATCTT CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA AAATTCATAC CTTTATGCTA TCGCTGTAGG CTCATTAACT TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC TATCCTTTGA TGATTGTTTT ATTAGATTGT TTCGTTGATG GATACTTTCA	420
10	CGAATTTCTA TAGTTCAATG CTACTAAAAA AACAGCCCAA AACTTTAATT TGTTTTGGAC	480
	TGTTTTATAA TTATGCTTGC GATGGTGTTT TAGTTTCTGA AGTTTGTTCA GCAATGTCAT	540
	ATTTAAACTC TTTACCATCA TGATCTACTG TAACTTTCTT ACCTTCAATT TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA TTCACTTAAA TTATCTTCGA TAGTTTTTTG TATCGCTCTA ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA TTCTGGATCA TATCCTTCTT CTGCGATTTT GTCTTTCGCT TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT TATGTTTTGT TCAGATAATC GATTTGTTAA TTTATTAACC ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT TAATTCTTCT TTTGTTAGTT TATGGAATAC AATGATATCA TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC TGGACGGAAT GAATTTTTTA ATTCTTTTAA CATCGTTTTT CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG TCCATCACTT GAACCACCGA ATCCAGCAAA TCGTTGATCT TGTAATTCTT	960
25	GTGCCCCAAC GTTTGATGTC ATTATGATAA TTGTATTCTT GAAATCAACT GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT CAAATGTCCA TCATCTAAAA CTTGTAATAG AATATTAAAT ACATCTGGAT	1080
30	GAGCTTTTTT AATTTTCATCA AATAAAATTA CAGAATATGG TTTACGTCTA ACTTTTTTCAG	1140
	TTAATTGTCC ACCATCATCA TGACCAACAT ATCCTGGAGG AGCACCAACT AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTT TTCCATAAAT TCACTCATGT CTACACGGAT CATCGCATCA TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC AGCTAAAGCT CTAGCTAATT CAGTTTTACC AACACCAGTT GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT ACCAATTGGT CGTTTAGGAT CTTTTAACCC TGCACGGGCA CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT TGAATTAACA GCATCTTTTT GCCCAATAAC TCTCTCATGT AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG AAGTTTTTCA GATTCTGTTT CATTGATTTT AGTTAATGGG ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT AACTTCAGCA ATATCTTCTT CTGACAAATGA AGTTGaCATG CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA TTCATTTTTA GCTTCTTCAT ATTGCTTTTC AAGTTTTGTT TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC AGCATTTTCA AACTCTTGAG CATGTACTGC GGCATCTTTT TCATTTTAA	1680
	CTTTTCAAT TTCTTGTTCA ATTTCTTTTA AATTATTAGG TGTCGTATGA CTCTTAAGTC	1740
50	TTACTTTAGA ACTTGCTTCA TCAATTAAAT CAATTGCTTT ATCTGGTAAG AAACGATCTG	1800
	AAACGTATCT GTTACTTAAT TTAACAGCTG CTTCAATAGC TTCGTCTGAA ATATTAATAC	1860
	GATGGTGTGC TTCGTAACGA TCTCTTAATC CTTTTAAAT AGCAACTGTA TCTACTACTG	1920

55

EP 0 786 519 A2

	TTTTGCGATA	TTCATCTAAT	GTAGTAGCAC	CAATACATTG	TAATTCACCA	CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA	AATATTGAA	GCATCGATAG	CACCTTCAGC	ACCACCAGCA	CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC	ATCAATAAAT	AGGATGACAT	TACCTGCTTG	TTGGATTTCT	TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG	CTCTTCAAAT	TCACCACGAT	ATTAGTAGTACC	TGCAACTACT	GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT	AACACGCTTA	TCTTTTAATG	TCTCTGGTAC	CTCATTATTG	ACTAtGGCtT	2280
10	GCGCTAAACC	TTAGCAATA	GCAGTTTAC	CAACACCTGG	CTCTCCAATA	AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT	ACGTCTACTT	AATACTTCAA	TTACACGTGT	AATTTCTTTA	TCACGTCCTA	2400
15	TAACAGGATC	TAATGTACCG	TCTTTGGCAA	TGACTGTTAA	GTCACGAGCT	AAACTATCTA	2460
	AAGTTGGAGT	ATTATTTGAC	TTACTAGCTT	GTGCATTTTT	ATTACTCATT	TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT	CACAACTTGT	GCACGTGCTT	TAGTAATATT	TAAATCTAGA	TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC	AACACCTTCA	TTTTACGAA	TCAAGCCTAA	TAAAATATGT	TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG	ATGTAATTTT	CTAGCTTCAT	CCATCGATAA	TTCAATGACT	TTTTTAGCTC	2700
	TAGGTGTATA	ATGCAATGTA	CCAACATGAT	CTTGACCATG	TCCGATTAAT	TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC	TTTATCTTCA	GTGATATTAA	AACTTTCTAA	TACTTTTGCA	GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCCTT	CATTAAACCC	AATAATAGGT	GTTCTGTTCC	TATATTTGAA	TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC	TTCTTGGGCA	TGTGCTAATA	cGCGCTGTGC	ACGCTCAGTT	AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA	TAATGACCTC	CTACTTTATA	TGTTCTCTTA	GTATATCTGC	TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT	TGTCATCTTC	TTCATCTAAT	AAAAATGGTG	ACTGTATAGC	TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT	TAAAGTTTGT	TAATCAATG	TAATTTAAAT	CTATACCAAG	TTTAACTcGC	3120
	TTAATCTATA	AGAAGCCTCT	TCCATAGTTA	TCATTCTACA	GTTTTGTAA	ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC	ACGGTCTTGT	GTTTCTAATT	GATTATAAGT	GTCTAACTTT	TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC	ATGAATGATT	TGATTAACAA	CTTCTGTTAA	TGTTTCTATG	ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC	AAGTGTAAGT	TGGTTGGATA	CTTGATAAGT	ATGTCCATAA	ACTTGCGAAC	3360
	CTTCAACGTA	AATACCTCTG	ATTGTATATC	CAAAACGATT	AATGGTTTGA	GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT	CATAATAGAT	AGACCTGGCA	AATGTAGCAT	CACGCTTGCT	CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT	GGTAGGACAT	GTAGTTAAAT	AACCAAGTTG	TTCATCATAA	CTTATATCAA	3540
50	GGCTTCGATC	TAATTCATCA	TCAATTGATG	AAGCTTGATT	ATATAAGCC	TGTAATGTCTG	3600
	TGTCAGTTCC	CATAGCTTGA	ATACGAATAT	GGTCTCTTTC	ATTTATCATG	ACACTTAAAG	3660
	ATTCATCGTC	ATTCATAAT	ACTGCGGCTG	CTGGTTGTTT	TATTAGTTCA	GGACTAATCA	3720

55

EP 0 786 519 A2

CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATAACTCT AAATCCcATC ATTTTCAGTA 3840
 GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAcTACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC 3900
 5 ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA 3960
 TGGTCATCA TGTGTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAT 4020
 GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTTCAT TCTTTTCTTC 4080
 10 GATTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC 4140
 AAATTGTCCA CCTTGAACCT TCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGcATA 4200
 15 ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC 4239

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1245 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

CAAAACTTTG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTTATTT 60
 30 TTTATTTATT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTc CAGTAAAATA GGTCAAATTA 120
 CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC 180
 TCTTGTTGTTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT 240
 35 AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA 300
 ACATTTcCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGaCCCAAAG 360
 ATTCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTcACA 420
 40 GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT 480
 TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAAACT CAACACTACA 540
 AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATG TTCGCTATAT 600
 45 ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA 660
 TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTCATAAGA 720
 50 CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTC TGATAAAATA 780
 AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA 840
 TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC 900

55

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080
 5 GATCTAACAA TTTAAAATTc GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATCnTATT AAATATCCTT 1200
 10 ATAACCCTTT TAAAATTAAA CTGACACACT CATACTTGT TACAC 1245

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCa TCATGTGATA 120
 25 ACTTTTTCaA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTG 180
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTtGAAAA ATTCGATTCC 240
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300
 30 AATAACACTT ATCCATTAAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360
 CTTCACTTAr AAAAAAGCCA TCAACATCAA ATAAAATTTT CTTCAACAATC CCCACTCCAT 420
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTThAAAT TTTATAAATG ThTTTCAATT TCATCAGCAA 540
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600
 40 CAACTGCACC GGCGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTt TCACCAGGAG 780
 45 CAATATTATC TTTTACAACt GTTGGGTCAA CTAATTCAAT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840
 TCAAGTTAAA TACTTGGAAT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAAATACAA 900
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

EP 0 786 519 A2

	ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG	1200
	CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC	1260
5	CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA	1320
	ACCAGAACAC ACTATTCACT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA	1380
	CACCATATAT GAAAGCTCC	1399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1329 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

	TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAACT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG	60
	CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTTGTT	120
25	AATTAATGAC TGC GCAACCT TAAACTAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC	180
	AATATGTTCA TAACCTATTCTTCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA	240
	AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA	300
30	TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC	360
	CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC	420
35	CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTCGCAA	480
	TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT	540
	GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT	600
40	AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA	660
	CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT	720
	TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTTT CATTAAATTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA	780
45	TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG	840
	GGACAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA	900
	CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT	960
50	TAATAAATCT TACATCCACT TAAATCCCC CTTTGATTG CAATAAACCA GTATTGAATA	1020
	CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA	1080

TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCGGTCTG ATGGAAAATT 1200
 TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTTTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC 1260
 5 ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTGA TCATTATTG GATATTAACA 1320
 ATTTTACG 1329

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

- 10 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

20 GAATAGTGCC ATTTGGAAG ACATAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCGTG 60
 TTCATATAGA TTTGTGAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT 120
 GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA 180
 25 TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA 240
 AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTC TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC 300
 AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC 360
 30 AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT 420
 ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAAACCTCG CATAACATA AATAACATA ATCCTATAAT 480
 GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA 540
 35 TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC 600
 CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC 660
 40 TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAAATGTG TAAATTCCTA TGTTAATATA 720
 CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAAAATTC 780
 ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT 840
 45 TTACATAGAT TTACAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTtTTTATA TTTCACAAAC 900
 GAAATGCGTT TActATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA 960
 ATTTATCaTA GCmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGCmGCGG AGACTAAAAT 1020
 50 AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA 1080
 AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA 1140

EP 0 786 519 A2

	TACACATTTT GAGGAGTATG TTACAGATCA CGTGCATCCA ATGACAGCAT TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT ATTGCACATT TCGATCCTGA TGCTGAAAAT GAATCAGATG AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA ATGCGTATAC AGGCTAAAGT AGCATCATTA GTTACAGCGT TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT AAAGAACCAC TTAAGCCTAA TCCTGACTTA AGTTATGCGG CAAACTTCCT	1440
	ATATATGTTA CGTGGGGAAT TACCAACAGA TATAGAAGTA GAAGCCTTCA ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC GCTGATCATG AGTTGAACGC ATCTGCATTT ACGGCACGTT GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA GATATGTACT CAGGTATTGT AGCAGCCGTA GtTCTCTGAA AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG CAAACGAACA AGTTATGACG ATGTTATCTG aGATTGGGTC AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT ACTTAGATGA AAAATTTGCT AATAAAGrTA AAGTAATGGG cTTCCGTCAT	1740
	CGTGTATATA AAGATGGTGm tCCTAGaGCG AAaTATTTaA GaGAAaTGAG CCGTCAaATT	1800
20	mCGAAAGACG CTGGTCGTGA AGAATTATTT GAAaTGTCAG TGAAAaTGGA AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA AAGGATTAAT TCCTAATGTT GATTTTTATA GTGCGAGTGT TTATCACTGT	1920
	ATGGAAATAC CTCATGACTT ATTCACGCCA ATCTTTGCTG TAAGTCGTTT TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA TTTTAGAACA ATATAAAGAT AATAGAATTA TCGTCCTAG AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA CGAATCGTAA GTATATCCCG CTTGrAGaAA GAAAmTAATC AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG ATGTAAAATT TGGAGGTAAA ATAACATGA CTGCAGAAAA AATTACTCAA	2160
30	GGAACGAAG GATTAAACGT ACCTAATGAA CCAATTATCC CATTTATTAT CCGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG ATATTTGGAA GGCAGCAAGC CGAGTTATAG ATGCTGctGT TGAGAAAsCC	2280
35	TATAATGGCG AAAAACGCaT TGAATGGAAA GAAGTGCTAG CTGGCCAAAA AGCATTTGAT	2340
	ACAACTGGTG AATGGTTACC TCAAGAAACA CTTGATACAA TTAAAGAATA TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC CTTTAACAAC ACCAATTGGT GGTGGTATTA GATCATTAAA TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT TAGATTTATT TACTTGCTTA AGACCGGTAC GTTGGTTTAA AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA AACGTCCACA AGATGTTGAT ATGTTATTT TCCGTGAAAA TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG GTATTGAATT TAAAGAAGGT ACAACAGAAG TTAAAAAGGT AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG AAATGGGTGC GACAAACATT CGATTCCCAG AAACCTCAGG TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT CTAAAGAAGG AACTGAGCGA TTAGTTAGAG CAGCTATACA ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC GTAAATCAGT TACTTTAGTT CATAAAGGTA ATATTATGAA ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA AGCAGTGGGG TTACGATTTA GCATTATCTG AATTTGGTGA TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC AATATGACGA AATTGTTGAA AATGAAGGCA GAGATGCTGC TAATGCTGCT	2940

55

	TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT	3060
	GGTGA CTATA TTTAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGCGCCAGGT	3120
5	GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA	3180
	AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG	3240
	TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA	3300
10	ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT	3360
	TCTACATCAG CATTGTCAGA TGAATTGATT G _n AAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG	3420
15	G	3421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3173 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

	CCCTnGATAC CCAAAC TGCC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTTAT	60
	TTTCCAATAA ATAAnCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA	120
30	TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA	180
	AGTACTTTTT AATTCCAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA	240
35	AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG	300
	CAATGACACT AATTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA	360
	TAAACAACCTT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA	420
40	TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT	480
	CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTGC TATACGTTAA GTCATCGGAC	540
	ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA	600
45	TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT	660
	GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA	720
50	ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT	780
	TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTTAAATGT TGGAGATTTG CTTTATCATC CTCAATAATT	840
55	TGTAATGCTT TTATTGTG AATCGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA	900

EP 0 786 519 A2

ATTTTGTCAA ACTCACAAAT CGTTTCAGCA CCACTAATAT GAACATCTTG ATTGCTAGAA 1020
 CGCATTTTTTA TACTATACAT GACGATCACC TcAATCTTCT TGaTGCAAAA TTTCAAACAA 1080
 5 CCTATCTATA TCTTGTTTCAG TATGAAAATA CGACAATGAT ATTCTTAACA TTGGCTTAGT 1140
 CACAGTtGGA TACCTTAAAT AACTTGTAAG CACATGATGC TTTAATAATG TTTGATGAAT 1200
 GTTCTCAGCC GCTTCTATGT CATCAAATC AATAAACTTA ATCGGCGAGT TTGaACTATT 1260
 10 ATAATKAACA TTGAGTGCTT TTAACCTTTG GTTAAATAT TTAATCAAAC TATTTAATTT 1320
 AGTGCGTCTA TCATCAGCAT TTATTAACCT TTCAATGTTT CTTTTTATAA AATACAAATT 1380
 ATAAATTGGC AAACACTCTG AGTAGATGAG TGGTCTACCG TGATTAATTA aCATATCCtT 1440
 15 CaCATCaTTT GaACTKaAAA TcACACCCCC GTATGCACCA CATGCTTTAG ATAAACTAGA 1500
 AGTGAGTATA TCTACACCTT GATAATTCGA GTAAtTCTCT AttCCAAAAC TATGTGAAAC 1560
 20 ATCGAGTATC AGTGTTGCGT TAnATTTATG CTTTAATGAG ACTAATTGAC CAATATCCAC 1620
 AACGTCGCCA TTCGTTGAAA ATACACTATC AGATATGATT ATTTTGGTA TATTTTGATT 1680
 AGGGTATTTT TCTAACCTTT TTTCTAAATC AGCAATATCT AAATGCTTAT ATATCACTTT 1740
 25 TTCTAAACCA CTTAACTTAA TACCGTCAAT AATACTCGCA TGATTTTCTT GATCTGAAAA 1800
 CACGACACAA TTTGTATTTT TGAAAATATT AAATAACGCC AAATTAGCAT CATAACCACT 1860
 ATTTAAGATA GTACATGcAC TATATCCGAG CCAACCTGCT AACATTGTTT CAATTTCTTC 1920
 30 ATAAGCTGTC GAACTTCCAC TAATTAATCT TGAACCTGAT AAGTGATAAC TATACTTCCG 1980
 CATAAATCTT TCGAAATCAT CCTTATCAAA CGCTATTTGA CCTAATCCTA AATAATCATT 2040
 AGATGTATAG TTCGTACATC TCTTATTTT TACTTCAATA TACTGTCTAT CTATATACCC 2100
 35 TACCGATTTA AGCGACCGAT ATAACCCTTT CTGTTGTAAT AAATCAATTT GCTCTGAAA 2160
 CTTCAATCTT GTTTTCCTTA TTTTCAACAG TGTCATAATC AATTCAAAG CCTAAATCAT 2220
 40 TAATCATATC GTAGTCTAAT TGGTTCGGTT GCCCACCAGT AATTAGATAA TnCACCGACA 2280
 AATATTGAAT TCGCCGCTTT TAATGCTAAT GGCTGTAACG AACGTAAGTT GACCTCTCTT 2340
 CCTCCAGCAA TACGAATTTT TTTCGTAGGA TTGATTAATC GGAATAATGC TACGATTCTT 2400
 45 AAACATTTCA TTGGTGTTAA ATCATCCATG CTTCCAAACT TTGTGCCTTT GATTGGATGC 2460
 AAAAAATTAA TCGGAATACT GTCGGCATCC ATTTCTTTTA AAGCAAATGC CATATCAACA 2520
 ATATCTTGAT TAGATTCTCC CATACCACAA ATCAGCCAG AACATGGTGA TATATTATTC 2580
 50 GCTTTTATTA GTTCTATCGT ATCTGTTCTA TCTTTATAAC TATGCGTTGT CACGACGTTA 2640
 TCATGGTAAT TTTCACTTGT ATTAATATTG TGGTTATATC TGTCTACACC AGCTGACTTA 2700

55

EP 0 786 519 A2

TGTTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880
 5 CCATCGATAA TTTGTTCTCT TGAATTAATA GCATATCGCT GTTTTTGTTT AATATCTCGT 2940
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000
 10 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAAA 3060
 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATtTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1694 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480
 40 AATACGGTGT AACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540
 TGTTGTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACT GGCTTTCTCT ATCACCAaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840
 50 TTTATACGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAACGGC CTTACCTTCC 900
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

EP 0 786 519 A2

ATTTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAG 1080
 ATTGTGTCTT GCATTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT 1140
 5 CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT 1200
 AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT 1260
 GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG 1320
 10 TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG 1380
 CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA 1440
 TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTTAAAT 1500
 15 AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCGCCcAT 1560
 tGATCATTAA TCATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT 1620
 20 GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAaAACC GACAATAGCT TCAnCAACAG TAATACTCTG 1680
 TTCCATCTCT TCTG 1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1358 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35 AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA 60
 CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGT CAGATTTGTA CTTATTATCA 120
 TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA 180
 40 CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTCTGA CATCTACTTC TGCATATTTA 240
 AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC 300
 AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA 360
 45 AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTTCGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT 420
 TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTGCGCAGG ATCTAAATTG 480
 GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA 540
 50 ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TCGGTCGGT GATTTAAATG TTCTATCATG 600
 CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA 660

55

TCTTGTAAAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTTCATCT 780
 TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG 840
 5 TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT 900
 TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT 960
 TGAAAACTAA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT 1020
 10 ATATTCAATT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT 1080
 AATTTGAGAT GAAGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT 1140
 15 ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTGTGTG ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT 1200
 CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTCGCAA TAATTTGACC 1260
 GATATTAAAA TAAACCATCG ATTCCTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG 1320
 20 TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCGAGC 1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCAACATT CCATAGTTAT CATGATTAG 60
 AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC 120
 35 CACATATGAC ATTGAGAnGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG 180
 ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGctGaACG 240
 40 CAGCAGAAGT AATGAGCAAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTCA TTACAGATAT 300
 GTCATTAAAT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG 360
 TATTTCAATTA ATCTTTGTTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGAGCATG TAGATACCAT 420
 45 TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGCGCA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA 480
 ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGtTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT 540
 GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTTT 600
 50 AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA 660
 CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC 720

EP 0 786 519 A2

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TGCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAAGTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
15	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGATGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CCaGgTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAA T AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAACTGAG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAACa GATTTcAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTGCAA GACACCATCG	1860
35	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTCTGA TTTCGGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55

EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGCCCCAT TTGAAAAAGA TTCACTTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAGGACC AGAACTTGGC TTGAACATTT TATTTGTCCG CATTCAATAA	3000
	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAATGAT TAACCAATTT	3060
15	AGTATAGGTA TTCGTATTC AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTAAAGATA TTA AAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCCTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTTA AGGGAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAA GTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAACCTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440
TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTATGAA CAAAATGATT TGTTATTCAT 4500
5 TCGATACCCA TTAAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTTA 60
20 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120
TTACTTGGCG TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180
CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTTCTTCAG CAATTCTAC AATTTCTAGT 240
25 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300
ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360
GaTTGGTTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420
30 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480
GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540
TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600
35 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660
TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720
40 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAAAATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780
GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840
AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTTACTTCT GGTATGGGTG 900
45 GCGGAACCTG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960
TAACTGTTGG TGTGTAACCT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020
CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080
50 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATTT AAAGAAGCTG 1140
ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

EP 0 786 519 A2

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
15	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGaACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	aAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACCT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
35	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCCCTAA AGAAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTG ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

EP 0 786 519 A2

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660
 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAAACAATG CATCACAAGA 3780
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840
 25 TGAGCTTAAA AACCGCCGTG CGACACTTGT CAATTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

AATTGTGGG GGAATCTTAG GTTTTGTCAT GCAAAGAACA AGATTTTGT TAACAGGTGG 60
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTAACTATA ATCACCATTT TTCTAGTTGT 480

EP 0 786 519 A2

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTGGGCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAATAAAAT	720
	TATTGATTGG GGTGTCTTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GCGGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGGCTC AGTTGCTGGT GGTTGTTCTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGACTTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGCC AATGAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TAAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAAG	1620
35	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTTC GAAATTGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTCGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GGCGGTTGGA TTAACAACT CGGTGTATTA GATTTGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCGT	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTTTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280

55

EP 0 786 519 A2

	ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC	2400
	TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA	2460
5	TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT	2520
	AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTATAC	2580
10	TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTATAG	2640
	TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC	2700
	GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA	2760
15	AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT	2820
	TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTTGGGACA TTTTGTATA CAAAAGTTTT	2880
	ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT	2940
20	AAAATAAGGC TAAGTGTCAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT	3000
	ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTAAAA TAATGGATCT	3060
	GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG	3120
25	AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA	3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

	GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG	60
40	ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG	120
	CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA	180
	ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT	240
45	TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA	300
	ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC	360
50	GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC	420
	TAAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTTT	480
55	ATTAATTAAT TGTAATAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTTAATATT AAAATTAAC	540

	ATCGTTTCAA	TATTACTTAT	AGGGATGGCT	ATCAGTAATG	TTTCGAAAGG	GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT	TCTATTTTCG	TACTAGTTGT	TTAGTGTTAa	CTTTAGTTGT	AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT	CAGCAAATGC	ATCACAAACA	GATAATGGCG	TAAATAGAAG	TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG	TATATAGTGC	AcTThCAACT	AAAAAATTAC	ATAAAGAACC	TGCGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA	TTGATGGTGA	TACGGTTAAA	TTAATGTACA	AAGGTCAACC	AATGACATTC	900
	AGACTATTAT	TGGTTGATAC	ACCTGAAACA	AAGCATCCTA	AAAAAGGTGT	AGAGAAATAT	960
	GGTCTGAAG	CAAGTGCATT	TACGAAAAAA	ATGGTAGAAA	ATGCAAAGAA	AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA	AAGGTCAAAG	AACTGATAAA	TATGGACGTG	GCTTAGCGTA	TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA	TGGTAAACGA	AGCTTTAGTT	CGTCAAGGCT	TGGCTAAAGT	TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA	ACAATACACA	TGAACAACCT	TTAAGAAAAA	GTGAAGCACA	AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA	ATATTTGGAG	CGAAGACAAC	GCTGATTCAG	GTCAATAATG	CTCATGTGTA	1260
	AAGTGTCACT	GCTGCTAGTG	GCACTTTTAT	AATTTTTAGA	TCACGATATG	ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT	TAAAAAAGTA	AATAGTATCA	AAAGTAAGTG	TATTTAATAT	TAGAAAATAA	1380
25	AAATTTTAAA	TTTAGTATTA	AAATGGAATG	TTACTATATA	GTTCAATGTG	TATTATCACA	1440
	GAAAAATAAA	TAATGCTTTA	CTTCTATATT	TAAAAGTGTA	TAATGAAAGT	TAAGTAATAA	1500
30	AGAGCGTGAA	GAAAAATGTG	AGTTATTTAT	ATAGAATATT	CTCCTTTTCA	TTTATGAATT	1560
	TGTTACAAAA	TATTTAGTGC	AAAAGCACGA	cGGAGGTATT	CAATATGaAT	AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT	TAATGCAGAA	AAAGGTTTTG	GTTTCATCGa	AAGAGAAGAT	GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA	CTTctCAGCA	ATCGCTGAAG	ATGGATACAA	ATCATTAGAA	GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT	CGACATCGTT	GAAGGCGACC	GTGGCGAGCA	AGCTGCAAAC	GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA	ACTTATTCAA	ACAGTCCTTA	CTATAGGGCT	GTTTTTTTAT	GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT	GGTGTGGTAA	AAGCACTAGC	CGTTATTTTT	TTGTCCAATA	AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC	AATATATAAT	GGTTCTAAAA	TAAATCGAAC	TGATGGAAAA	GTTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT	CCGACTTTTG	ATTTTGAATA	TAAAAAAGCG	CCAATACAGA	ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT	TAAAGTCTGT	ATATGGCGAT	AACAAGAAGT	AATGTTAAAC	ACTCAAAATG	2100
	TTTAACAATA	ATAGGATACC	ACATCGCATA	ATATCTTACT	ACTTAATTAA	TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT	TTGTTAATTT	TTTATTAAGA	CTGATTAATT	ATTGAGAATA	TTTATTGTTT	2220
50	TTAAAATCTC	ATAATAATTC	AGTAATCTTG	TTTTCATTTA	AAAGGCGAAA	CATTAAAATA	2280
	ATTAAATAAA	AATATTGCGT	TTAATTTACA	GCGTCAAATA	TACTTATTTT	TAATGCTTTG	2340

55

EP 0 786 519 A2

	ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT	2460
	TCCGCTTGTT GTATTAAAAA AGGTTTGTGA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG	2520
5	TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT	2580
	TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTT AAAATAGAAA TATTGTAAAT	2640
	GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT	2700
10	TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC	2760
	AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA	2820
	AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAAATAT TGGGCCTCCT	2880
15	GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAACTAAT TTAATAATTT	2940
	GATGAACTG TGTTAATAAg CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAAATTATC	3000
20	TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC	3060
	ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA	3120
	ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTTGT ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC	3180
25	CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTTGCC	3240
	ACTTGCAATA TTATATTAA AAGATTGCAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC	3300
	CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA	3360
30	CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG	3420
	AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC	3480
	GAATAATATA AGTAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAGC TCCTTGTTGA	3540
35	AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA	3600
	AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG	3660
40	TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTCAAT TATAGCACA	3719

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|-----------------------------|
| 45 | (A) LENGTH: 1676 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

55	TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA	60
----	---	----

	CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC	180
	ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCTTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT	240
5	CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACCTTT CTTTTTGGTA AAAACTTCCC	300
	ATTTGTCCAT TCAGGTATTG TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA	360
	TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT	420
10	ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTAAATGT	480
	ATAAATTGAG TTCGGTACTT CCTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT	540
15	CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT	600
	TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT	660
	TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCATATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTTCG GCTCATTACC	720
20	ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA	780
	TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACTCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA	840
	ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT	900
25	ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAaC ATGaCTTACG	960
	TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT	1020
30	TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG	1080
	TTTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCGATT	1140
	TGATTTACTT TTTCTGTTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA	1200
35	CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTCC CGCCATCTAA AATCACACCA	1260
	TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA	1320
	ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT	1380
40	CCGTAAAATT TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA	1440
	TTTCCCGGAT GAATCATTA AAGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA	1500
45	GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT	1560
	TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCACTT	1620
	CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC	1676

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1294 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAC CTAATACAAC AAATACAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTTG TAGTTCGGT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAAATCGTC ATAGAACCTT TAGGTAATAA 480
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600
 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900
 CTCAAAATTT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960
 35 ATAAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTCTG TTGTTTCATC 1080
 GCGAGCTTTT CAGCATTCGT TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATaAAAA TATnaACCaG 1140
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGtT TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTAAATTTA 1260
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTC AAAT 1294

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 50 (A) LENGTH: 1935 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAACACG TTTTATTATTT TTCATTGTGA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAATagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAACT	540
	GAAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTGCA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCC TTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGAACGATT AGATTACTGG CTAAGAGAAA	900
	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
30	ATTATTGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTTATTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTTAAAGAAA AATATTCAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
	GATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
45	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTGAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860
 GATTTGTCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCCTA AACAAATTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTTAACG 300
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600
 ACAACACCTT ACGATTTAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCTTT 840
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAAC TA 960
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTTAAGTA TTATTTCATA 1080
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTGTGTTG ATGATGTCCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320
 ATTTGATCAT GCATTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTTGTAGT TGTAATTCG 120
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTCG 180
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAACCTCTTA ATTGTTATTT 240
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1639 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180
 TTTATCChGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240
 TCATTGCTAT TATTA AAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTA CTATTATTA TCAGGCTACA 300
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTTGCTA ATATACGGTT TGTATTATCAG 780
10 CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840
TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTCCTTA TAAAAAATT ATTTAATGAA 1080
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTCGAAAT TCCCGTATGA 1200
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320
25 ATTGGCATT CATAACGCTT CCAAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440
30 TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTTCTA TTAATTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500
TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560
ATCCATTTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1816 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAGTA TATTGAAAAA 60
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180
AGTAATCCAT ACTGATTTGT TGTACATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACAAGATAT 240

TTCTyTATTT GTAAaTAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420
 5 TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAaAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TtATCAATTT 660
 CTACTTTTTC AAActCAAAT TGTTCTTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACTTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTcAGTTG 1020
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACTT 1080
 25 CAGGAAGTAA GGTtTGTTCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320
 ATATATATAA AATTTcAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACTTTCA 1440
 TGGCTACAAG CATTcATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTTCTTT TGTTGTTGGT GATTTTTAGT TTGATTATAT 1560
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTtGATGA 1620
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680
 45 TTAAaATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740
 TGCTTTTTTG TAATTtGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 9956 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAKTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGCTTAGCA GCAAGTGAAA TAATAATGAT CATTAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTTAA GCCATTCTTG ATTTGTCACT ACACTGTAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTTT ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATTa CATTAGTTAG ATTCCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
40	TTCACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAAc CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTTAAATATG CTTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAACTA	1500
50	ATTGAGAACG TGTTCTGTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAACCTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55

EP 0 786 519 A2

	TTTCAGCTTC GATTTACCT TTCGTTCTTT TCATATCACT AACTCCAATA ATATTAAAAT	1740
	TGATTACTTC ATCTTTGTAT CGTTATCAGC ACATCAACTA TTACATTAAG TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT TTAAGAAGCT AGAACATTGT AGATATGATG ATATATTAGT TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT CATCGTTAAA TCCAACTTTT AAAACGCCCT TCCTCATTAA CGCTCATTAA	1920
10	ACGCAGCCAA TGATTAGACA CCTTCCTAGC GAAATGCTCA TTATTCGCGA GTAGTCTTGC	1980
	TACAACATAG TCGGGTGCCT GAATAACGAC AAGTAAACGA ATTGGCGAAT GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA GCCATAACAG ATTGCCATGA TAAGCCATAC ATCAGATCAC TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA CCAACACCTG ACGTGACGGT TTGTGTCGCT TTATTCCAC TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA ACTGTCGACG CATAATATTG TAAATTAATC CATTGTGCCA CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG ATGGTATTTA ATAATGTGCC ATCTTTATCT TTACGCCAAT CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC CGCCCTTCTA AATCAATGCC TTTTGTTAAT TGGCGTCGTC CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT TTAGCCAATC CCCATTCTGG ACGTACCTCA CTCCAATCAC TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT TCCACTGGAT GATTACACAG ACCAATCGTT GGCAGTTTGT CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCGc TGTTCAGAAA TCATCGGCAT CGCGTCATTC AATGATTCAT ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA GATAATGTGT CTGGCACATA TACCCATGCC AACGTATCAG TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT ACCGCAAAAA CAGTTGTCTC TGGAAATAC ACACCTGATT GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA TTTGGACGAT TACATATCAT CGCTAATAAC TTAGCATTAA AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA CAAGCCCCAC ATTCAAGTGA TGCATGATGT GGATTATTGT GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT GCTAACACAA CGAACGGCGC AAATGCTTCG GTTAAATCCA TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC GCGAAATCAA TTTGCTCTTG CTCAGTAAAT CCAACAGGTA AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC TCACGATCAA TCGTCAACTT TGTTTCAGGC TTTTTCACC ACTTTTGT	2940
40	TATTTTTTGT AAAGACGCGC GACTTTTTCT AGGCATAATC GAATTGACAA TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT GGCCCACTTA ATTCAGGCAA TAACAGACTA GGCATGACAT TATTTTTCAT	3060
45	CAATTTAAAT GTGTAAAACA TCGATGACAT TGTCTGTTGC TGTGTGCGAT AAACATTCAT	3120
	ATCGTAGCGG TCTGCAAATT CTFTAATGCG ATATGCCGGC GGTACCATGA CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG AATTGTTCTG CTACGGCATC TTTTGAATA GGTAATCCAA AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC GTTTCAAAGG GCCCTGCTGC TTCGATATGT CTACGAAATG GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA CAAAATGCAA TTTGCGCTTT CGTTGATGTG CCCATCTGAT TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA TCAACTGCTT GTGTGTCATT TAACAATACT GAATGTGGCT GATTAGCGTT	3420

EP 0 786 519 A2

	TGCTTTAATT	TTTTGTTTTA	ACTGAGATTC	GTATGTCATT	TCCCAGGCAA	TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT	ACATTTTTAT	TCATAGTTGC	TGCAAAATGA	ATAAACGTTT	GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT	TGTAGTAATA	CATCGCTAGG	CATATCACTG	TAGTAACACC	ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA	AACCAATTTT	CCGATCTACT	TTCACAATCT	TTAGCGACTG	ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT	AGCAATTGTT	CGACAATAA	CCGAATTGCC	AAATAATCCG	TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG	TGATGCTGTT	GTGAACGGTA	ATACAACATA	CCTGCCCAAC	CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT	CCTTCAACAT	AAGCTTGGTA	GTCTTCCTGA	TCTATTGAAA	AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT	ATCGTCATTT	CAGGATCATT	GGGTAAGCCT	TTAATCACTT	GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA	CTATGGTCAT	GTTGCGCTAA	ATGCAACCAT	GCATGGTAAA	AACTTTGcTC	4020
	ACGCTTCGGC	ATTGTCCAAC	TCGATAGAAA	TTGATCGATA	TAAAGTTTCG	TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA	TTCACTTGTT	CGCTAAGTGG	CTCACCTTGT	TCATCTATTA	TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT	ACATCATAGT	GATGATATGA	TTCAGCCATA	TCACGTTTTG	ATTTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA	GCAACAACAT	CAACATTTGA	ATGATTCATA	TATGATGCAG	GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA	ATGTTATCAA	TATAAAGATT	GATGTAGTGT	TGCGGGATAT	TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC	ATATCAGTAA	CAAGTTGATT	AAAGACACTT	TCATCTAATT	CACCACGTGC	4380
	CACAGCGCTT	TCTATTAATG	CTTTATTTGG	GAAATATCC	ACATCTCGAA	CATCACGTAA	4440
30	CCATTTTGCG	ACATCTTCAA	ACGTATCCGC	TTCTAATCCT	TCCCATGGAT	TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA	ATTGGTGATA	ATGGTGTAAT	AACACGTTTC	GCATTTTCAA	TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAC	TGTGTTGTCA	TACCTTTTAC	CTCCTATAAA	TACTTCTTCA	AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT	ATCGCTTTTCG	AGCGTGCTTC	ACCTAGATTA	ACTAACCACA	CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC	TTAGAGTATC	GATGCCGCGC	CACCCAAATA	CTTAATAAAC	TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA	ACACTAATGA	TGACACTCAC	TGTAGGCGGC	GTTGTCGCAT	GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT	ACAGCGTAAA	AATAATTATG	TGTGATGACG	TAGATAAATG	TCACGATTGC	4860
	AATCAAAATC	ATACCAACAA	GACGTGCCAT	GCGTCCTTTA	CTAAAGGCTA	CCATTTGATT	4920
45	CCAAGATACA	AGTAATGACC	ATCCTAGAAT	GAGTGCACTT	AACACTTCAT	ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC	ATCCAAAATA	GAAATGCCAC	GATAATAGCT	AATACACGTC	CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA	GCGTCTTTAG	CAGATGCTTG	TTTTGGAATA	TTGAATCGCT	TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT	AAAAATAATG	TTGCTTTAAA	AATACCGTGC	AATATTAAAT	GAATAATCGC	5160
	TGCTGAATAT	ACACCCAATG	CACATTGAAC	TAACATAAAG	CCCATTTGAC	TCATCGTAGA	5220

EP 0 786 519 A2

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCTT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACACTG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAT AAAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG ACACTGCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCACTGT	6240
30	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTTATTCTG TTTAAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACATATG ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
	ATAAGATTTT ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
45	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATT CACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTGTAG GTAACAATA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACTCATC ACTATGTTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTAA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

EP 0 786 519 A2

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTTGATAC TCGAGTTCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAACTATC AACTTTTGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAACAATTA AGCCACAATT CAAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTGTGTTA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAAGTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCTTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGCTTAA TAATTTTAGC AGTCGGTTGC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACTTCGCT AGTTCTTCTT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTTGA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940
 TTTGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060
 TGTCATTTTA GTTTTATATG TTAGTGGTAT TGCATTTATT CTAATCAGTG TTTTGGTTTC 9120
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300
 15 TGATAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420
 TCGATTCGGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TTAAGGAGAA GCGGCCTAGT 9480
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAAGTTAG 9540
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAATTA GCTTTAAAG ctTCGCAATG TTGCGCCATT 9660
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTT TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720
 TTATGTTTCA GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTTCTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780
 AGATTAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATT CTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840
 30 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTCC CATTCTTGCT TTCTGA 9956
 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2411 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:
 TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CCGTGAACAA TACCTGGACG 120
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACCTG 240
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300
 55

	AACAACTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTIA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGGAAAATC ATAACCAAAA ATATTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT	660
	CCTGTTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGCACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCATAA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAAATGTC ATTTTCCAC TCAATATTCC CCATGcAGCA	840
	CCATTATTTC GATGTGgTGT TATGTTTAAA AAGTGCGGTA TCACTTCAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA	1080
	TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
25	ATATGAACTT AATTATTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GtCTTCGACT GGCCTGCTC CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TtCACTCGAA TGTCAGTTCG AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTITACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTTGTTGT TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGATCAA CATTAAATAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAACTAA AAATAACACT	2040
55	GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCGAT CTGGGAAAAA ATAGTTTAGT	2100

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTyGTTGAC TTGATAAACC GaAAAGCATA 2220
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATiATTTTnC GAATGGACTG 2340
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400
 TThnATATTA A 2411

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 605 base pairs
 15 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TThCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60
 AGGTCAAAAT ATTTTGGATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTT TTATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240
 AATAGGTGTA GGCGGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420
 35 TGGTGTGTA TTTAAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AACAGATAC 480
 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TTAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGG TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360
 AAAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420
 10 CATAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTATT 480
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAAATTA ATTTAGCGA TATCATTCAC 540
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

30 ATACAAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180
 GTGAACAAGA TTTAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240
 GTAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAA ATTACACAGC AAAGTTAGTT CATGCGAAAG 300
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420
 CGAATAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540
 ATTTCAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600
 50 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660
 AAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720
 ATAGTTTCAA ATGAATTTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG 60
 TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA 120
 ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA 180
 AACGACCTAC AGCATTAACT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT 240
 TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCCGACAT TGATCATTTA 300
 AGACTTTTAA TCCTTGtTC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG 360
 CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT 420
 GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG 480
 GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT 534

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT 60
 TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT 120
 ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT 180
 TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCaAAA 240
 ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT 300
 AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA 360
 GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATTC AAATGTAAAA GTTGCTTATT TCGTGGCTT 420
 TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA 480

EP 0 786 519 A2

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGTTTGTAA	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
10	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCTTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TAACTCAAT	TTGGTGCAAT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACCTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
30	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCGA	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCTAG	TAAGATTGGC	AACTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCACTATCTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
45	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGctGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
50	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

55

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTTATTATT TTTATGGTTA 2400
 ACGTGCGTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTATG 2580
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820
 15 CTGGTATGCG TAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880
 CTTTAAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAG GCAGTCGTGA 3000
 TTGTCGTAAA TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTATG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300
 30 AACCACCGAC ATTGTTTGTA TTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCATATTA 3420
 35 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480
 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGcAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600
 40 TATTTAAAAT ACGCGAAATT A 3621

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 643 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTCGGAAA TTAGGATChG nGCTATCTTG GCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

AATGCTTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180
 ATGGCATTGG TTA CTACGAT TCCAATTAACT ATTAGCATAC CAATTAACT TGGTACTGAT 240
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420
 10 GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480
 ATCACTTGTC GTGTTGTGCC ACCCACATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540
 GCATAATCTC CTGTCTCTTG CGTCAATTTA CTTGGTGTGC TTGTTTAAAC TAACGTAGCG 600
 15 ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTTC AAG 643

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2524 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCAGGCyG TGCAAGGGCT TTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTAT CGTGCAAAGT 60
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTCG AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300
 CCGATGTCGT ACAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360
 40 TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTAAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600
 AACATTTAAA GCTTGTTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660
 AAGCGTTAGT GAaACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTTCAGAT TGTCAATCAC 720
 50 GTTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

EP 0 786 519 A2

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGACAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACTT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
	ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
15	ATTTTAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTTtagGA CAAGAAATTA CATTAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG AttGATTTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CnAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAAATAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTCGA TTAATAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
35	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAAGACCA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGTaAACaTC	2460
50	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA	2520
	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTGTC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATAACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
40	GTTTGTGAAA TTTTtGATAA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTtAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATtCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC	GGATGCTACT	TTATTTAGTT	TGAAGGTGC	ATTATGGACG	TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA	AGAATGGTAT	TTAGGATCGA	AGTTGTATGA	AGATGTTGAA	AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC	TTTAAAGACA	GGTTATATTT	ATCAAGAAAT	TATTTTGAGA	CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT	ACTTCTGAAT	GATTTAAAG	GTGCTGGTTT	CGAATTAGGT	ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA	TACTGAGACT	GTTGTGCCAT	TTGAAAATTT	AGGATTGTTA	CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT	TATTGCAACA	GCAAGTGATG	TTTTAGAAGC	AGAGAATATG	TATCCGCAAG	360
CACGACCATT	AGGAAAGCCG	AATCCTTTTA	GTTATATCGC	AGCTTTATAT	GGTAATAATC	420
GCGATAAATA	TGAATCTTAT	ATCAATAAGC	AAGATAACAT	TGTAAATAAA	GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG	CGATTCTGTA	GCTGACTTAT	TAAGTGCTCA	AAAAATAGGT	GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT	AACAGGTTTA	AAAGGTAAGG	ATGCTGCAGG	TGAGTTAGAA	GCGCATCATG	600
CCGACTATGT	TATTAATCAT	TTAGTGAAAC	TTAGAGGTGT	ACTAGATAAT	TTGTAATTTG	660
ATTGTTGTTT	GACAGCATAA	CTTGTAGTGA	ATGATTGAAC	CAAAGGTTTC	ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT	TAATAATGAA	AAAATGCCAA	GAAGCAATGG	AAGTAATCCA	ATGTCTTCTT	780
GGCATTITGA	ATTTACATAA	ATTGTTTATG	ACTGTACCGT	CAATTCAGTT	GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC	ACCAACTTGT	TTAAGTTCAT	CAATTATATT	GTTTGAAACA	GGTTGATCAA	900
CGGATAAAAT	CATTAGCGCA	TCTCCGCCCG	CTTCAGTTCT	ACCTAAAGTC	ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT	GTATTTACCT	AACAATGCGC	CAGTTTTTCC	TACCATACCT	GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA	CACAATTTGA	TATTGATTTG	GCTTTAAGTC	TACAGAAAAA	TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT	TGGACCGAAA	CCTGTAAAGA	CAGAAGCGCC	AACTTTAACG	GAATCGCnAT	1140
CGnTTGATAG	TTCTACCTCT	AAGTAGTTAC	TAAAACCTGT	CTCTGCTTTA	TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT	CACTTG					1216

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

ATCAAAATAT TTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAAA TTTAATAGAA AATAAATTG 60
 10 ATCAAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG 120
 GGATAGGGAG ATATTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA 180
 AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC 240
 15 AAGAGTCA ATTTTATAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTG 300
 GCCTTGACACA TGGAGTGCTA GGACCGATGT CTTATTTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA 360
 TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA 420
 20 AATTTTGTAA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT 480
 TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAATGACG ACGTTGTTTT 540
 25 TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC 600
 AAGTAGTAAA TGATAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTTGTCAT GGATTGTCAT 660
 CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT 720
 30 ATATCACTGT ATTAATAAAT AACTGATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT 780
 TTATAGACAT TAATGAAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG 840
 AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT 867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 10813 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 40 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

TACCTTTTCT TTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGtTA ATCaATCctG 60
 ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTCTAC ATTTTATGAA 120
 50 AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTcATTACA GTTACTTTTA 180
 TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA 240
 AGAAAAAAT TAACTTGGGA GATAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA 300

55

EP 0 786 519 A2

	CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTCTGACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACAAGTATA TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTA AATACAATAC ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAAGT CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATATTTT TCCTTCAACT ATTATTTTAT	840
	CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATTT AAATAATTCTG CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTCTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGTG TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA	1020
	AACCTTTTATC CCCTTTTTCAC TCGGTTTAAT TGCTTTAATA TTAAACACAG TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTGAT TCGAATGTGA ACATCATTTA TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG AAAAATATTG TTAAACCAAA ACTATAATTA CCACTTTTAT ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT TAACTTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA TACTTATTGG TAAATCATT ATTATTTGAA GAGCATTTAT AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATTC ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTGAT AAATTTATAT ATTTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC	1440
35	TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTTAAGAAA TAAATATAAT	1500
	TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCAAT TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA AGAGCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATTCCATCT	1680
	CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC TCAATATATT AAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT CTTAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTTAA CGCTAGTGGa ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACA ATATCAAAAT GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCCTTCCAAA TTTGAATCCT	2100
55		

EP 0 786 519 A2

	AAAACCTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT	2220
5	GTTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGACTGACTT AAACCTTTTCT TTAAAATCGC	2280
	TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT	2340
	TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC	2400
10	CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG	2460
	ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC	2520
	CTAATTCCTTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA	2580
15	CTTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC	2640
	GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCACG ATACTGTCCG TCACGACTCG	2700
	CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG	2760
20	CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG	2820
	CCAATACAGA AGCACGTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCTTG	2880
	CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG	2940
25	ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG	3000
	CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT	3060
30	TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC	3120
	CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG	3180
	CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA	3240
35	TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCACT AGCTTTGCAC	3300
	CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT	3360
	TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT	3420
40	TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTCGA	3480
	ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA	3540
	AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT	3600
45	TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCTGTCT TAAAATTCAA	3660
	TTGAATAATT GTCGTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA	3720
	ACGACAAATC ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT	3780
50	GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG	3840
	ATAAAATAAA CTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC	3900
55		

EP 0 786 519 A2

CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG 4020
 AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA 4080
 5 AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACCTTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG 4140
 AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTTAG 4200
 10 CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA 4260
 ATTCAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGcTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC 4320
 CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTTCT 4380
 15 GCGCTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA 4440
 TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG 4500
 ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT 4560
 20 CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG 4620
 CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA 4680
 TATCATTACT TGAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG 4740
 25 GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT 4800
 TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT 4860
 ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTGA CGAAGAACAA GATGCTGTTC 4920
 30 ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTCTG GAATATCACA 4980
 GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC 5040
 CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTACTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA 5100
 35 ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG 5160
 TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCTC 5220
 40 TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTACC 5280
 GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC 5340
 CGCTTGGGCT GACATTTTGG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC 5400
 45 ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA 5460
 ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC 5520
 GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC 5580
 50 ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTGAGACTT ACCCATCAC TCAAAAGTTC 5640
 CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTC 5700

55

EP 0 786 519 A2

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC 5820
 AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA 5880
 ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT 5940
 AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGA 6000
 AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT 6060
 TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT 6120
 GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA 6180
 AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA 6240
 GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGcTTTT CACAAGCAGC ACAAAGACAA 6300
 CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA 6360
 GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT 6420
 GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGT 6480
 GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA 6540
 GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTCTGTA GACATTTTAT CATTAGAAGC TGAACGCAA 6600
 TATCGTGGTG CTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA 6660
 AATGCCGTAC TATTCTTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT 6720
 GATTCAAGTA GCAAAGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAGTCG TGGTGAGATT 6780
 TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA 6840
 TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA 6900
 ATTTTAAAG GTATTGCGCA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAAT ACCAGATGAC 6960
 GTATTAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATTC CACAACGATT ATTACCAGAT 7020
 AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC 7080
 GATAAAGTTG AAAGTAAAA ACGAATTCT GAATTAGAAA ATGATAAAGC TAAAGCAGTA 7140
 AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT 7200
 AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTAGAT 7260
 ACTATTCAAC GATTAAGTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT 7320
 TTAATAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA 7380
 ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT 7440
 GGCAGTTTCC TATTTGTTGG CCCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA 7500

EP 0 786 519 A2

	GACACAACAG	CTGTTTCAAA	AATGATTGGT	ACAACTGCTG	GTTATGTTGG	TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA	CGTAACTGA	AAAAGTACGC	CGTAATCCAT	ACTCAGTCAT	TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA	AAGCAAATCC	ACAAATTTTA	ACATTGTTAT	TACAAGTAAT	GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG	ATGGTCAAGG	TAATGTCATC	AACTTTAAAA	ATACAATTAT	TATTTGTACA	7800
10	TCAAATGCTG	GCTTTGGCAA	TGGCAATGAC	GCTGAAGAAA	AAGATATTAT	GCACGAAATG	7860
	AAAAAATTCT	TCCGCCCTGA	ATTCCTTAAC	CGCTTCAACG	GCATCGTTGA	ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG	ATGCATTGCA	AGATATCGTC	AACTTATTAT	TAGACGATGT	ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA	AAGGTATTAC	GATGGACGTT	TCTCAAGATG	CGAAAGATTG	GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG	ATGAAGAATT	AGGTGCACGT	CCATTAAGAC	GTATTGTTGA	ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA	TTACAGATTA	CTATTTAGAT	CATACAGACG	TTAAACATGT	GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA	ACGAATTAGT	CGTAAAGGT	AAATAACGAC	ACTTTAACAT	ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC	ATCAGGTCGC	CCTTGCCCTG	GCTCATTTTT	TTAATTATTT	CCCTGGAAAA	8280
	TGATTCGCTG	TGTGCTGTTT	TGTTCCACAA	CAATCACGAT	TAATGTCACA	TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT	TTGAACGCTT	GAAAAATTTT	ACTAGTGTAT	ATAAGGCATA	TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA	TTAAAATGTT	AATAATGACT	GACACTTTAA	CCACTCCTTA	AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT	GATAAAAAAT	GAATGTTAAG	ACATATGCAG	TGACTAGAGG	ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG	TCCATTTCCA	TGAATAAGTC	TCTTTACGGA	TTGCTGCTAC	TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT	ACAATAGTAT	AAATATCATA	AATGCATACG	CAGATAGCGG	TGTGAATTGA	8640
35	TTTTGAATCA	CATTAACAAG	GCCTGCATCA	CCTGATGAAT	AGATAATCGC	CATCGAACTT	8700
	ACGATAACTT	CTTTTGCTAA	AAATCCTGGC	ACTAACGTAG	CACCTGCTTG	CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG	GTTGCACTAA	CATACCAAAG	AAACTACCAA	CCATATGTAA	AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA	CATTGATACC	ATGTGGTCCT	ACATAACTTA	ATAGCCAAAT	GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA	TAAATGTACC	TGCTTTACGA	ACAAAGCCCT	TAGCCTTTTC	CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG	TTTAAATGGA	AGGCACACGG	TATGTTGGCA	ATTCCACAAT	AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT	TTAAAATCGT	CTTAGTAAGT	ACTGTACTGA	CTAAAAATGC	CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT	ACAGGCTTAA	TACTACTAAA	GATTGATTCT	CTTTGAAAAA	GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT	ACACTGGCAG	TCTAGCAGAG	CATGACATGA	ATGGTGCAAT	TAATATCGTT	9180
50	GTTAAACGCT	CTTTTTCATT	TTCAATACTG	CGCGCAGCCA	TAATACTCGG	TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA	TAATCATTGG	TATAAAAGAC	TTCCCGCTTA	AACCGAACGA	TTCCATAATA	9300
55							

EP 0 786 519 A2

	AAAAAGAGCA CAACAATTTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG	9420
	CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC	9480
5	ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA	9540
	ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT	9600
	ATATATTTAT GTGTTAATAT CTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT	9660
10	GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC	9720
	TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCACGTAA ACTCGACAAT	9780
	TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTTATTTAA TAAGAATTGA	9840
15	ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTGACAC	9900
	ATATTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC	9960
20	CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC	10020
	ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTATC	10080
	CCGCGCTTGT TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT	10140
25	AACAATTGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG	10200
	ATTCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC	10260
	GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC	10320
30	CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT	10380
	AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTC CTAAAATACA ATAATTTTCC	10440
	ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA	10500
35	ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG	10560
	TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG	10620
	CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTAA ATGTTTAAAC	10680
40	TACTATTTCT CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCTTA	10740
	AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTA AATTGTGAC	10800
45	ATTGCAAAAA TGT	10813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAACTGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAACTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
15	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCmgTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAaMACTTA CAAATGAAAC AATTGCACAw CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCCGTTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTACTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCATGTTG GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC ATTTTGTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTcAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAAG TATCACAAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG aTTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTCATA	1080
35	GCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGTT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAagcTGAt TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTTAAATGTT	1680

55

EP 0 786 519 A2

ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA 1800
 TATGGATAAA TCCGAATTTT AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA 1860
 5 GGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT 1920
 GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT 1980
 CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA 2040
 10 TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTCGTATCA 2100
 CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA 2160
 ATTATTTTCA CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG 2220
 15 AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA 2280
 AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGTACCA 2340
 ATAGACAACT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTG AATCTAAAAG TTTTAAAAGT 2400
 20 TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAATGAAT GTTAATTTCA 2460
 TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT 2520
 25 TTTGCTGCGT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT 2580
 TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTTTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA 2640
 ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTGATTTA 2700
 30 CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA 2760
 ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA 2820
 TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTCAGGA CATTTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA 2880
 35 TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT 2940
 ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTGCTTGA 3000
 ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT 3060
 40 TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG 3120
 GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT 3180
 GGTAAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC 3240
 45 TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT 3300
 TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTCAG AAGTGTAATT 3360
 50 TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTTCTT TGTCTGAAT AGTGATATTT 3420
 AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT 3480

55

EP 0 786 519 A2

ATTTTGTTAC GCCTGTCTTA TCTAAAGCTT TTAATAAAG GTAAGATAGG ACGCCGGCGA 3600
 CTAATGCACC ACTAATTAAT CTAAATACGA TGAATAATGT TAAGTTCCAA CCTGCAACTT 3660
 5 CATTTAATA ACCATAGAAA TAATCTATCG GGAAAGCCGC GATTGCTGTA CAAAAACCTG 3720
 CTAACATAGC TACCATAACT GAACGTGATT GATATTTAAA AATTGCAAAG ACAAGTTCAC 3780
 ACGCTAAACC TTGTATAAAA GCGTAAACGA TTGTGCGAAT ATCGAAACGA CCCATAATGA 3840
 10 TAGTTTCGCC GGCACCTGCA GCAAATTCAG CCAGTAAAGC AATACCTGGT TTTGGAATAA 3900
 TTAGATAGCA GACAATCGCT GCCATGAACC AAACCCCGTT TGTTAATTGT TCGAGGTGAA 3960
 GGCCTGTAGC TTGCACACCA TTGTAAACAA ACCACCATAA ATTGTAAATA ACTGCGAATA 4020
 15 CTAATGAAAT AAGTACGGTT ACTAGTATTT CAGATAGCTT TAAACCTTTT GACATTTTTA 4080
 CATCCTCCTA ATAAAAAAC GCACAACCAT CCATAGGAAA GTTATGCGTT CACAATATAT 4140
 20 ATTAGTAAAA CATATGTATA GTAACACTTT CCTACGCTAG TTCAAGCTAG ATCAGGTTCA 4200
 AAGGGTTTGA GGGCAAGCCT CATCTCAGTA TAAACACCC CTAGTGTGTG CGATTTATTT 4260
 AATTAATTAT ACTGTAAGAC GTTTGTAAAC TTATGTCAAT AGGTTGTCTT CATGAAATTT 4320
 25 CGTTTAATTC GATTTAAAT TTATAATATT AGCATTGGAT TTAAATTGAA GATGTAGTAG 4380
 GAATGTTAGT AATTAAGAT ATAAAAATAT GTGACATGTA ATAATATTGA GCTGATAAAT 4440
 GAAGAGGGAT ACTTATCAAT CATACTCTT TAACAACAGT GAAGAACCCG TGCATAATGG 4500
 30 CTTACGAATT ATAGTTTATA AGGAAGAAGA GGGATACATG CGCCGAGCAC ATGCATAAAA 4560
 GCCCCTAACA ACTAAAAGTT GTAAGGAAGG AGAGGGATAC ATGCGCCGAG CACATGCATA 4620
 AAATCCCCTA ACAACTAAAA GTTGTAAAGG GATTTAAATT AATTTAGTGT ATCTTGATA 4680
 35 TCTTGTTTG KTTGaTTAAT ATCTTCTGTT TTTTCTTCTT TTTTATCTTT TAATTTTCT 4740
 TCAACTTCTT TAGCTTTTTC TGCTGCTTTT TTATTTTGAT TTTCATTAGA CATGATTAAT 4800
 TCCTCCCAA TTGGATAATT ATTTATATAT AAATCTTACC CGGTGTACT TTCGTTAAAC 4860
 TTTTCTAAGT CTATAGCACT ATTTATTCAT TTATCTAAAG ACAACAACAT TAGATTAATA 4920
 TATAATGATT TTGAGGTGAA CATAATGTCT TTTCTTAGGA AACACGCCGA AATTATTTT 4980
 45 AGCTATTTAA TCGGTmWCGT TcACTCTTCA CTGGKcTCAT TATTTTAATT AACTTGCCAT 5040
 TAATTAAACA ATTAAATGGT GGTAAAAAAG TTGATACACA TGTCATAAT GTGTGGGAAT 5100
 TTCTGAATGC ATTTTTCAGT GAAATTATTA AAGTAATGAG TCGATTTATA GGTAATTTCC 5160
 50 CtATAGTTAG TGCAATTGTG ATAATTATAT TCGGTATTTT AGTTATGTTG ATTGGTCATA 5220
 CATTACTTAG AACTATTAAG TATGACTATG ATATTTCTAT CTTTTCTTA GTTATCGGTA 5280

55

EP 0 786 519 A2

	TTTTATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTTCTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA ATTAGGTGAA GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG AACAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAAATTCAC TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTGAT TTAGATAAAA	5760
	TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG	5820
15	ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT	5880
	TTGTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG TGATTGGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA TTATTTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG	6120
25	AATTTATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTCTT ATTGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCAAT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTGTAA	6360
	CTAGATTTGA TTGATTGAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA	6420
	GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAACT AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT TATGGAATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTTACA	6540
	TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT	6600
	GAAATTTGGC AAACAATTATA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT	6660
40	CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT	6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAACATG GGGTGTtTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAActGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAATAGCT ATTATCATTt TTGAATTAAT	240
10	TATATTAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCATTTCa	300
	ATTGTTTTAT CTATATnTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
15	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGCG GGATTTGTCTG GTGGATATTT AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCAAGATA TGAActGACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAActTA TCAACCACAT AGGTTAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	GATGCGGAAT TTTTCTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
40	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTtATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTACTAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGTGAACA GTTTTGATTt AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTCGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTTnGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

```

AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTCCGCGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa      60
CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC      120
ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA      180
TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA      240
ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT      300
ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG      360
CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CCtTGCgAGA TTTTGGGGT      420
ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA      480
GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAAA GACTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT      540
CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA      600
TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA      660
ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA      720
ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG      780
AAAGATCCAA CAACTTAGA AAAAGATATT TATAAGTAG TAATGCATTT CGCAGATAAA      840
TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTACG CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT      900
GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC      960
TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG     1020
TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA     1080
TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA     1140
AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATAA TATCTAAGAA TACATGGAAT     1200
TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT     1260
ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC     1320
GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT     1380

```


TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620
 CATTGTGCA TIACTACTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680
 10 ATTAATAAA TGATGTTCTT GACCGTTCCT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTTCCTCAG CAGTAGTTAC 1800
 AATAAATTTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCATAA 120
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180
 30 CCCCATTTAA TTTTAAATT TGTTTTACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAACTAT TTATCAAAA TAAACGTATC 300
 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAGTTTG 360
 35 TCACTATCTA TTAAATAATC ACGCATGCAT CCTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420
 GTGTACCAAT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTTa AATCTACTTC 60

EP 0 786 519 A2

	GATAATTTCT	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCGGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTTGCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCAGTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGTT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GCTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGCG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
40	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCaAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAACT	ACTTATGTTG	TCGTTAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040
 5 AACAAATGGTT GGTtATACTG AAGATGAAAA TATTtAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTtGC AATTtCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220
 10 ACATTTCGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAAA AACATTtGAG 2280
 TCTtCCTGAA ATCTCATTtA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340
 CGATTCAATT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTA TTTTCTCATT 2400
 15 TCACtCTTTT TTAAGTCCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATAcACC GACATATTTT 2460
 ATGTTGTtGG TGTTAAGTTT aaAGGGTGA GATACTtGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 790 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTTAATA 180
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360
 40 ATGACAGATT ATTTTGTtGT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAAACGTAT GGAAGGATAC 480
 45 AATGAAGCGC GTTGGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540
 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600
 AGTCAGGTTG CGTATTtAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1823 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

	ATAGATGAAG GTGCAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
15	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
20	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTGTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
25	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAAGG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
	ATACACATGG TGTCATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
30	AATCAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTACT TCATCTACTA	660
	TTATTTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
	CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
35	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
	GTGAATGGAT GATTCCCAAATAAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAT AATAAAAATG	960
40	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATTCAAGAT AAAGTATCTG	1080
45	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
	TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
	TAGGTATTGG GTCTGAAAAA GATAAAGAAA TGAATATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
50	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTTGTTTG	1380

CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560
 5 GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGATAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620
 CTACaGCATT TGGTACTAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680
 aAAAGGtATT TGCatGTGGc gGTatACctA AAAAGAATGC TGTTATGATG GATATCTATG 1740
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1600 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25 ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTtCATATG tCctAATAAC AAAAGAATAG 60
 GTTTTaAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTA GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120
 ATGaATGTGA TGACTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAaATTcGA 180
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTTTAAAGCC CAaTTAATC 240
 AAAAGCTTTC TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300
 TGTTTTTGGa TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGGaATAAAAT 360
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTTTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540
 40 TTTGTTATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCGG TCCTTTGATG TTCACTAAAT 600
 GTGACTTTAA ATCTTGTtCT AATTGTTGTA ATTCTTTTTC AGCTAATTGT CGTtCTTCGC 660
 45 GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720
 GTTTCaATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTTTC TGTTGCAGTT TCAATCGCAT 780
 TTGTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCATT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080
 TATCCATTTG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTAAAT GTGTTTGATG 1260
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCGATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320
 10 GATTCATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAATCTT TTTAACATAG ATGGTTTATC 1380
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTTGAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440
 15 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500
 CATTTGTTTC TGKAAATCAG AACCAAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CCTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1227 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:
 30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCCATTCAA GATGAATCTT 240
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTTAAAAGCT TGGCAATCAG 360
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAACT 420
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480
 45 CACAATTAGC ATCAGCATT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

55

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTTG TtGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTTAAACGTC 960
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AAACAGCAGT GGTACTGCAC 1080
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1953 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTcaATTGC AGTAGGTGAA 120
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180
 30 AATGTTATCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTcAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480
 GCATTGGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540
 40 CGTGTTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGCACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660
 45 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTGAAA 780
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTTCA 840
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900
 TATTAATAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200
 TCAAAATATG AAGAGTGCGA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260
 TGGAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GTATGAAAGC TCAAAATTAT CCGGTAAAKG 1500
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCGTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTT 1560
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620
 CcACAGTTCT AATTTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAAT TATATGAAAC 1680
 20 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATTT CATTACTTAT CATTCGTACT GTGATGAAAA 1740
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800
 25 TCTGTATGAT TGTTCCCTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAA CTAAAGAAAA 1860
 CATTAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3787 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AAnTTATCGA CATTAAAGAT GAATTCAhTT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60
 TGTTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120
 45 TATCcACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180
 CTGAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACATGA 240
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGrCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

EP 0 786 519 A2

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTTATTATC AATCTGCAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
15	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTAAAGA CGAATGATTT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTTGTGTTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCTG TTAAGTGGCA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACCTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCTG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
40	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATT CAGAGTTTGT	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTAAGTGGCT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
	TCGAAGCTAT TGACAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
15	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAAGAAA TTTGGTCTAA GGCGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTCg TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTGTGC CAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
40	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TGCCTTAAAA	3600
	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1644 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATT	CAA	ACTGAGG	AACGC	nAAGA	CGGs	ACgTTT	CCAGATT	TTAG	AAGTATT	TAA	60
	AAATGAATGT	GATTTAAGCT	ATGACATAAC	GTCACTTTAT	ACTTTTAAGC	AACCTGTATC						120
	ACCACACCTT	GCATTTAAAA	TGACAGATCA	AATTTTCTA	AATAAGCAGC	GTGTATTAGA						180
10	TAAGGTAAAA	GTTTTAGATA	AGGAATTTGA	TTTTATCTTA	ATTGAGGGTG	CTGGGGGAAT						240
	TGCCGTACCA	ATATATGAAG	GTACAGATGA	TTTCTACATG	ACTAAAGATC	TAATCAATGA						300
	TTGTGCAGAT	TGTGTCATCA	GTGTGTTGCC	ATCAAAATTA	GGTGCTATTA	GCGATGCCAT						360
15	TGTTCAACCA	GATTATGTTA	ATCAGAATGT	ATCGGCGAGT	AATTTTTTAA	TAATGAATCG						420
	CTATACAGAC	AGCTATATTG	AAAAGACAA	TCAAATGACG	ATTGGAAAAT	TAACAAATAA						480
	AACAGTCTAT	ACATTTGAAG	AACATGCCAC	GTATGAAAAT	TTCTCAGAAG	CATTTTTAAA						540
20	ACAATTAATA	GGAGTTAAAA	ATGAATTACA	CACAACAAC	TAAACAAAAA	GACTCAGAAT						600
	ATGTTTGGCA	TCCATTTACA	CAAATGGGTG	TATATAGCAA	AGAAGAAGCA	ATCATCATTG						660
	AAAAAGGAAA	GGGTAGTTAC	CTTTACGATA	CGAATGGCaA	TAAATATTTA	GATGGTTATG						720
25	CATCGTTGTG	GGTCAATGTG	CATGGTCATA	ATAACAAATA	CTTnAATAAG	GTAATTAAAA						780
	AGCAACTCAA	TAAAATTGCC	CATTCTACGC	TGCTAGGATC	ATCAAATATT	CCGTCAATAG						840
30	AACCTGCGGA	AAAATTAATC	GAAATCACGC	CAAGTAATCT	AAGAAAAGTA	TTTTATCTG						900
	ATACAGGCAG	TGCGTCTGTT	GAAATCGCAA	TAAAGATGGC	ATATCAGTAT	TGGAAAAATA						960
	TTGATAGAGA	AAAATATGCC	AAGAAAAACA	AGTTTATAAC	GCTAAATCAC	GGTTATCATG						1020
35	GGGATACGAT	TGGTGCGGTA	AGTGTGGTG	GTATCAAGAC	CTTTCATAAA	ATATTTAAAG						1080
	ACTTAATATT	TGAGAATATT	CAAGTAGAAA	GCCCATCTTT	CTATCGCAGT	AATTACGATA						1140
	CTGAAAATGA	AATGATGACA	GCTATTTTAA	CGAATATAGA	GCAAATTCTA	ATTGAAAGAA						1200
40	ATGATGAAAT	CGCAGGGTTT	ATATTGGAAC	CGTTGATTCA	AGGTGCGACA	GGCTTGTGTG						1260
	TTCATCCTAA	AGGCTTTTTG	AAAGAAGTCG	AGAAATTGTG	CAAAAAATAC	GATGTCTTAT						1320
	TAATTTGTGA	TGAGGTAGCA	GTTGGTTTTG	GGAGAACTGG	AAAGATGTTT	GCATGCAATC						1380
45	ATGAAGATGT	TCAACCGGAT	ATTATGTGTT	TAGGTAAGGC	GATTACTGGT	GGCTACTTAC						1440
	CACTTGCAGC	TACATTGACA	TCTAAAAAAA	TATACAATGC	ATTTTAAAGT	GATTTCGCATG						1500
50	GTGTGAATAC	CTTTTCCAT	GGTCaTACAT	ACaCCGGAAA	TCAAATcGTT	TGTaCGGTTG						1560
	cATTaGaAAA	TATaAGaCTT	TATGaAAAAC	GTAAGTtnAT	TGTgCACATa	TTGaAACGaC						1620

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTr GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180
 CACGCTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCGTAA CCTGCCAACC 240
 AAAGCGAGAA CAAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTT GGGCAATACG 360
 aTGCCCATtG TACTTGTtGA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420
 CGAGCTTCAG T 431

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTtGCGTCA CGTAGACAAC 60
 CTCCATAAAG TTACTTAATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAAA TTGGAAnAAT 120
 TATAAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180
 ACTGTAAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAaAATAT 240
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420
 ACAGTTCAAT ACAGTGCGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480
 TTCTGTCATG GGTTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540

EP 0 786 519 A2

	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCAAT	900
10	AGGTGTGTTT ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAaCAC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTTCAG	1080
15	TTTGTTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCCGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC ACACTATTTA TTTATGGCGT	1260
20	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAAGTCCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
25	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
	CAGTTATTC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTATTTT CTACGTATTT	1500
	ACACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCTTATT	1560
30	TAAATTATTA CCAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCGCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
	ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TCCCATTCa TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGcAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTta AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TTCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAAATGA AACCTCATCA ATTCCAACAA TTATTTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTAAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCATTTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGA TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGATTCT TCTTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTTGA GGGTGTAATA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTGCGC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGC ACTATTCAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCACT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

	AAGTCACTTG GAAATTGTTG CACCTGTTGT TGAGGGGCGT ACGAGAGCAG CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA GCTGGGGCTC CGACGACTGA TCATCATAAA GCAATGCCAA TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT GCTTATCCTG GTCAAGGAAT TAACTTCGAA ACAATGAACT TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT TCTACGGGTG GTTCATTGCA TATTATTACT AACAATAGAA TTGGATTAC	2040
10	TACAGAACCA ATTGATGCAC GTTCAACAAC TTATTCTACA GATGTGGCCA AAGGTTATGA	2100
	TGTGCCAATA TTCCATGTCA ATGCAGATGA CGTTGAAGCT ACTATTGAAG CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA TTTAGAAAAG AGTTTCATAA AGACGTCGTT ATTGATTTAG TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA CATAACGAAA TGGATGAACC ATCAATTACT AATCCaGTTT CTTATCAGAA	2280
	TATTGCAAAA CATGACTCTG TTGAATATGT GTTTGGTAAA AAGCTTGTTA ATGAAGGTGT	2340
	CATTTGAGAA GATGAAATGC ATTCATTTAT AGAACAGTC CAAAAGGAAC TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA ATTAATAAAG CTGATAAAAT GGATAATCCA GATATGGAAA AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA CCGTTACAAG CAGACGAACA ATCATTTACT TTTGATCACT TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA TTGTTAACAT ATCCGGATGG CTTTAACATT TTGAAAAAGT TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG CGTCATGAGC CGTTTAATAA AGAAGATGGT TTAGTTGATT GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT GCATTGCGA CAATTTTACA AGATGGTACA CCGATTGCTT TAACTGGTCA	2700
30	AGATAGTGAA CGTGGTACAT TCAGTCATAG GCATGCCGTG TTACATGATG AGCAAACAGG	2760
	TGAAACATAT ACACCTTTAC ATCATGTTCC TGATCAAAAA GCGACATTTG ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT TCAGAAGCAG CAGTAGTTGG TTTTGAATAC GGCTATAATG TGGAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC AATATTTGGG AAGCACAATA TGGTGATTTT GCAAATATGT CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC TTCTTATTCA GTTCTCGCTC AAAATGGGGA GAACGTTTCA GATTAACATT	3000
	ATTCTTACCT CATGCATATG AGGGTCAAGG GCCTGAACAT TCATCAGCAA GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTACAA TTAGCTGCTG AAAATAATTG CACAGTTGTC AACTTATCTA GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC TTATTGCGTG CACAAGCGGC TAGTTTAGAT TCTGAACAAA TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG TCACCAAAAA GCTTACTGAG AAATAAAACA GTTGCAAAAC CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT GGTGGATTTG AGCCAATTTT GACAGAATCA TATCAAGCGG ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT TTGGCAACTG GTAAAATGTT CATTGATTTA AAAGAAGCAT TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA TCAGTATTAC TCGTTGCGAT TGAAAGATTG TATCCATTCC CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA TTAGTAGCAC AATTGCCAAA CCTTGAAGAA GTGTCATGGG TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT CAAGGTGCAT GGTATATGT CTATCCATAT GTTAAAGTGC TAGTTGCAGA	3540

55

AGAAATTCAT AACTTGTTC AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAC TAGGG 3660
 GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA 3720
 5 CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG 3780
 AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG 3840
 AACCACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TGAATTGCT ATCATCGGCG 3900
 10 AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAATGAAG 3960
 AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCCGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC 4020
 AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC 4080
 15 GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG 4140
 AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAACACAA CAAGCATCTG 4200
 CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCTG GAAAAATGT 4260
 CACGTAGAAA GAAACAGCT GCCAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT 4320
 TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA 4380
 25 ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TACTAAAGC 4440
 TTCTGTAGCA GCTTTGAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT 4500
 GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT 4560
 30 ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA 4620
 TTTAGCAGTT AAAGCAGCAG AGAAAAA ACT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT 4680
 TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA 4740
 35 TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA 4800
 TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAAGC TATGATCATA GAATTATT 4858

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2222 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 45 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

50 ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT 60
 TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATATATT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC 120

55

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTGGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCCG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAAA TTTCGTTGAA TGGATTTTTG ATTTCTGTAG GGGAAATCATT	600
15	GAAGGTAACA TGGCTTGGA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGTTG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTCATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCAGTA GGTCTTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA ACACTAGCGA TTATTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
50	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
	AAAATAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

EP 0 786 519 A2

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1143 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACATATC 60
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTCATC GATTGTAACA 120
 25 ATTATATGCA AGTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180
 TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTTGA 240
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTTACC ATACGTTTCT 420
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600
 ATACTAACTT GATTAAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660
 40 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAACTTCA AAAATGTCTT TGCACCTACT 900
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATT CCATCAATTT GATACAAATC ATTCAACATA 960
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

55

ATT

1143

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 506 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

15 GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180
 20 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240
 ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360
 25 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTATGA 420
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCCT GaTTTCyCyT GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

30

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 421 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

40 AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120
 45 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180
 AAGTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240
 TTGATAACAA TTATCATTGT CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300
 50 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTCCTTAG ACAAATACT 360
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTCG ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

```

TGCACCTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA      60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTCGT TTTACAGAAC CTACGCTGAT      120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA      180
ATTGTATTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTGA GAAACAAGTT ATACATCGCG      240
AGTGTATTGA GCTGTGGAG GCGGATTGTA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAACCTAAC      300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT      360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC      420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTGTCA TTTAATTATA TGTCTGATGT      480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT      540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG      600
TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC      660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG      720
TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC      780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT      840
TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC                                             862

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

```

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT      60
CTTCTACCTG TCTsACATTa TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT      120

```

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTACG TCCTACACCT GCTAAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC	240
	CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT	300
5	ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT	360
	CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC	420
	ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTGGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC	480
10	ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC	540
	TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC	600
	GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA	660
15	TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA	720
	CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTGTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTTATC AACATCAATC	780
20	CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA	840
	ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT	900
	TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGKAAAT	960
25	CTACCTTCYT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGG	1020
	TACCATT	1027

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1006 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
35	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40	AAGGnTTGGA GGAATTAAT nGATGGCAAA TCCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG	60
	TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG	120
	GGGGCATACC AAAAGATTTT ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC	180
45	CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA	240
	TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT	300
	ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG	360
50	CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTACTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG	420
	GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa	480

55

EP 0 786 519 A2

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780
 10 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840
 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTatGTAAAT GGCGACATGC AAAGAATACA 960
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTan AGnAAGAAAT GTAAAA 1006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTnATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60
 GTAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360
 CATTCAATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTCG TGAACGTACT GCTATGAATA 540
 CGCCAATACA GGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAAA 600
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660
 TT 662

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTITAGGA AACTAGTGAA 60
 TATAACAAAT CCCTCCTCTC ATTTTITAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120
 CTAAACTGCA ACGGTTTCCTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTITATCA ATTCAAGCAT 180
 10 ACTTATTGAA AAATGTAAAC GTTTTCTTGA TAATCATTGT AAGCGCATT TTTTITATAA 240
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTAATATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AAATTTGCAA 360
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTTCGTCA 420
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540
 20 TAACTGCTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAAG TGATTTCCAA 600
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaCmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660
 25 AAATATTGT 669

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

35 CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAAT 120
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTTAC CAGCTGCTGG 300
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctCnCTA 480
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

55

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660
 AATCATAATT GGATAAGGTG cTTGTGCGTA CAGTGTTTCA ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTt GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840
 TTCGTTTTGT GTATTCACCTT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080
 15 TTGATCCATA CTTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140
 TCTTGTACTION TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CCTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1788 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAC AAATGGTCGA AACGCCCAA TTAAGACAC 120
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAT TATATCCAAC CAAAATCTC GATGATTTT ACGATAAAGA 180
 AGGCTTTTGA GATCAAGAAT TTAAGAGGG TGATAAAGGT ACTTGATAG TTAATTCTGA 240
 AATGTAATC GAGCCAAAG GTAAGGATAT GGAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300
 40 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAAATCAT 420
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAT TTAAGTTCTT 480
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAACTAT TATTGAAAGG 660
 CGATGGAGAT TTAAGAGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTGAA 720

55

EP 0 786 519 A2

	AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA	840
	AACAAGTTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA	900
5	GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT	960
	GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTC	1020
	TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA	1080
10	AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC	1140
	TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA	1200
	TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA	1260
15	TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA	1320
	GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC	1380
20	TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTAA ATCAAGGATT	1440
	AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA	1500
	GGGTTTGAT CACTTTGCTA TGGAACTGAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC	1560
25	AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAAT TGCCCTCGTT	1620
	GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCCCC ACAAATCTGG	1680
	AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT	1740
30	LAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC	1788

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2407 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

	GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA	60
45	GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA	120
	ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT	180
	ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC	240
50	TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAG ACAACATGAT GATATTTATT	300
	TTTGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAATCAT ATCATTACCA	360

EP 0 786 519 A2

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
15	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTG	1260
	TATTAATGAT TCATTTGCTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
40	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160
55		

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400
 ATTAACG 2407

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2424 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

20 ATGATGnATG GcncCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGGTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240
 TATCTTGGA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTGTG TTCTGATGAC 300
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACCGGACTA TCTATTTGAA 360
 30 GAAAAAGAAT TGTTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGTT 420
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATTT AAATAAAGAA 600
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTTGTCGGA ATTAAAGGTT 660
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTTCGGA 840
 GTAGCCaTGA AGAAAtAGTA CGTGACATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900
 45 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960
 AAATTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTTCGCT TTTGAGGCAT 1080
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

TGGCACATAA TGTTAAAAA GGTATTATTG CTTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA 1260
 TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC 1320
 5 AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGTATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTT 1380
 ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA 1440
 TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT 1500
 10 TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG 1560
 ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC 1620
 CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT 1680
 15 TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTGT 1740
 GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG 1800
 20 GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA 1860
 TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAA TGCATATTTA GATAAATTAG 1920
 GCATGAAAAA TCGGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG 1980
 25 ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA 2040
 ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT 2100
 GTTAAGaAAA ACTTAGATTA TGTTGCAAAA AACTTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA 2160
 30 GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTACTT CATAAAGTAA ACCGTTTAAAC TGAGGATATC 2220
 CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACCTCAGT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CCGTGACTCA 2280
 GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT 2340
 35 CAAAATGAAG ATAAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA 2400
 GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC 2424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 738 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50 CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT 60
 GTGGGTAGTT TTTTATGTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA 120

AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240
 GTTTCACTTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300
 5 GATAGTTTTG ACATTAGT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420
 CATTTCGGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAT 540
 GAAGAAATAA TAACTTGTT AATAAATAA ACATCAGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1270 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:
 30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAAACTATT TATATGACTA 60
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAAAACAA 120
 CTTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAA 420
 ACCTGAAACC TGTGTTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480
 45 TTGTAGATGA AGTTTTAGAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600
 ATGATAATTT ACAATCATT AATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660
 50 AACAGTGATG AGCCCATTA AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

55

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTAA AGTTAACAAT TCTCCATTG 1020
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260
 CATTGGAACG 1270

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1365 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACaMGTA AACAATATAC AGTTGaATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTA ACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGac CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300
 35 CCAGGTTTGT TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480
 40 GTGATTTTGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTGGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTAGAAG 900

55

EP 0 786 519 A2

	CGGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG	1020
	CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTAAAG	1080
5	GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC	1140
	CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG	1200
	GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA	1260
10	AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA	1320
	ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTACATT TAGGA	1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

15	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1383 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
20	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25	AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT	60
	CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAACT ATCTGATTAA CCCCTCCTGG	120
	TGCTGCACCA AGaACAATT CATTAAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC	180
30	CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT	240
	ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG	300
	TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGAAATGTT AAACCTGTAG AAAAATTCCA	360
35	AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT	420
	AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC	480
	TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCA TGCATGTTAC CATCATGAAA	540
40	AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA	600
	GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTGAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG	660
	TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTAA	720
45	AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG	780
	CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTCGTAAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC	840
	TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC	900
50	TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA	960

55

EP 0 786 519 A2

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGA CTACAA AGCATATATG 1140
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTA AAA nGAG CCTGAACAAA 1200
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320
 10 AATTGAGATG G nGG nAAAAA CACACCTCTT T G nCATTCTC GGTACATTTT TGCAATAATT 1380
 TCC 1383

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 415 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAA nA TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCCGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTTT GGTGCAGTAG 300
 GTATTTTAAAT GGCKGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

45 TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATTnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60
 50 aTTTTATCGT AATCTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

55

EP 0 786 519 A2

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300
 CCTGCCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480
 TTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660
 15 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720
 ATAATAAGGG TAGCGGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGtK 1080
 TTAAATGTTT TTTTATTA TCGTTGTTTt CCAtTTCGtK TaaAAATGtT CyTATATTCC 1140
 T 1141

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 706 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60
 CTAATAACAC ATATTAACT TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTTAT GTTGAAATGA 120
 ATATTGTATG ACAGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTA 240
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300
 50 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360
 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTTA TCAAACGTAA AAGTACATTT 660
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

ACACAATCTG AAGATTCACG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60
 ATGAnAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAaAAC 180
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTay aCGTTTACAA TGATTTTTCa GATCATTACC 420
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAATAATA ACTTGCTtCG TTCTAAAAGG 480
 35 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTTGAA TTGACTTACA TTTTAATAAA ATCATCTTAA 540
 CAACTTTAAT TTTTCaTTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAAACTTC 720
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCCCTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAAATT 1020
 50 TCACTTTTAG TTCTATTATC ACTATCATTa GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCCATA 1080
 TTATTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAACCTT AAAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCCTTGTTG GTTCGATTAC AGGTGCACCG      360
AAACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTAAAT ATTCCGATTC      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGa GCGATTAAAC TTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAATTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTAT CATCATGAAA      120

```

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TGCGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTGAG 420
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAT AATTGAAGTT 540
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaAAGGG ACAATAAATA 600
 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660
 15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 630 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60
 TATAATTTTT TCTTTGTTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240
 AAAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420
 GAAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTACTAAAAT GACATGAAAG 480
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAAGGATC AAGTTGTAAT 540
 TCGTCACTTT TACCTGTTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600
 GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6254 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

	ATTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAGSTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
25	ACTATTTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTIGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTGGTT TATGGATTTT AGCGTTAgca GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTgCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
	GAAGTGAAAG CCAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTGGTGGT	1560

55

EP 0 786 519 A2

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTTAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGATC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTC AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAA AAACATCTAC CGATAATGAA CAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAAT	2580
30	GGAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTGTGTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGTATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
50	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
55	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATT	3360

EP 0 786 519 A2

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAGGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AATGAAAAAT GTTTTAAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAACCTCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCAGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTCTGTT ACATTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAArGwTAAr GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
30	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCCA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACCTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CATTGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGTA CTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATAAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
50	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAtAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

EP 0 786 519 A2

ACCATTGGA TTTTCAGGAA AGGATTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTGT 5280
 TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA 5340
 5 TAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT 5400
 GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA 5460
 CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT 5520
 10 CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT 5580
 GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC 5640
 AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT 5700
 15 ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA 5760
 TTTACCCGAA GnACCCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT 5820
 20 TGTAGTGGGT GAAATCATTC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA 5880
 TCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA 5940
 AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA 6000
 25 AAAGTTAAAA GAAGTAGGaA AAcGTGCGAG ACGTGAtATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA 6060
 AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT 6120
 TCGCCAAATT GGTTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT 6180
 30 AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAATTAT 6240
 CACGATTTTA AATG 6254

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3710 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45 GTTGTCTTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT 60
 TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT 120
 CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA 180
 50 ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA 240
 TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA 300

	TGTATTTGTT CAGCTAATGG AAAACGACTA TTTATCGTTG AATGGATATC TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC TCGCTGTTAA AACTGCAATT TTTTATAGGAA ACTTAGGTAT TGATTTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT CAAAACAACC TTCTTCAGTT AATTTTTTCT TTAATGCTTC TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC CTATACCATC TAATTGCATT TTATTTACAT AAATTTGATA GTTCCACGA	600
10	CGTTCAAAA CAGAAACACG TGCTTCTAAT AAGACTTCAT CTCCTTCTTT AGGTTCGAAG	660
	TTTAATTTAG AAGCACTACC TTGAACATC ATGGCACTTA TAACGCTTTC TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT ATAAATGaCC ACTTGaATGc TTTTGAAT TGAAAGCTC ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT GGAGATGTGG ATCTTGATCA AATTTATATT TAATATATTT CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA AATAATCTGA CATATAACAT CACTCAATTT TATTTTTTTA TATTACTCAA	900
	TACACCATTT ATAAATTTAT AATGATCATC ATCACTGAAT TGTTTTGTTA ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCAAT ACGACTTTAG CAGGTGTATC ACTGTGTAAT ATTTCATATG TGCCATTCT	1020
	TAAATAATA CGATCCGTTT TTAATAAACG TGCAATAGTC CAATCTTTTA AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG TCTAATACAG GTTCGTGATC TTTAACGCCA GAAACTAGCC AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT AAATCTGGAT TATCGTCTTT AATAAAGCTT ATCGCTTCAT TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC TTCATTTCTA ATTGAAATAA AGTTTGAAAA GCTTGCACTC GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT TTTAACTCCT TCAAACGTTT GTATTTTTCT TTATTTAATT ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT ACTTTTCAAT AACGATTTGT GTAATGTGAA TATTAATTTG CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA TATTAGAAAT TGAATTAAAA ATTGACGTTT GAATTTTGTT TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA CACCATGTTT TAATGCACAA TATACATCTA TATATATGCC ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT TTAAATCACG GCTTAAATTT TTACGACTAA CTTTTTCTAA ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG CAAAATGGCC AGTGATGCCT TCGACTTCCG AAGTAGCTAT ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA CTTCTGGCGC TATTTCTACT TTACCTAATT TTGAATTTGA ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA TGGATTGACC TCCTATTAAC CTTTCATCATT CATAATGCTA TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT ATTAAATTTA CCGCTTCTAA ATATATCGTT ATTCAATAAT TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT TGTATCAATA CCAAGAACCA CAAATTCACT TAGTGACGA ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC ATCTCGTGTC GGTTCATGTA TGATTAATTT CGCTACCATC GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT CGTATAATTA GTATAACATG CTGACTCTAT TCGAACACCA TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA TTGCTCmATT TTACCTGGTG ATGGCATAAA GTTCTTGTA GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT AAATTCAATT GCGTGTCTG TTAATTTAAT ATCTTCTTGT TTATACGGTA	2100

CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT 2220
 CATTTAAATC ATATATAAAC TCAATTGTTC CCGCATTTTC ATAATTTACA GCTTTGCTG 2280
 5 CACGAACTGC GGCATTTCCC ATTCACGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340
 CTTCTTCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCAGTTCTT CCTAAATGAA 2400
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC 2520
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580
 15 CAGCAGTAGC TTAAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GCGGATTTTC TTAGCTTCTG 2640
 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACTGG AACATTGGCT TTGATCATTT 2700
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATAACTT GGTCCAATGA 2760
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820
 AACCCGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTCA 3060
 TTATTTCACC TTAAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCGTCTT CTACTAAGAT 3120
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180
 AATACACACT GTTGTTCAT TTGAAACAGT GTCCCAACT TGCACATATG CTTCTTCGTC 3240
 35 TGGAGATGGC GATTTGTAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC 3300
 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTAGT ATCTTCAATA TTGATTCCG TTAAAGTTGA 3480
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540
 CAGTTTGTTC TCATCTACCC GTCTATTTTA CTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600
 45 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAACCAC ATTTTAAATT 3660
 AAAACACTT GTGTATTTAT TACTTAACAT TGAATCATCT TAACTCTTGA 3710

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1705 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCCTTT TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTCA TAACGATTTA ACATATGTTC TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCTT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTTAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
	ATCTTAACTT CATTCCTTT AGGCTTTGGC ACTTGATCT TCAATTAAAC ATATGACTAA	540
20	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTCA ATGCGTTTGA CAAAATTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTCTA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGtGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTCATGCA TGTTC AATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTATGTCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA AtATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1722 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTTCATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACC GCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
50	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTAA TAAATTTTAA	1200
	TAAAATTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTTAGC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTCGC CTCGAAAGTT	1320

CGAAwTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TGC GTTCCTC 1440
 CGTCTTCTTC AAATTATTTT GThAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTTG TTAAC TTTTCG 1500
 5 CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCCTATG CATGAGTTGC GAAnTATCTA ATGTCGTGAA 1560
 CTAATTATAT AGAAGAAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTT TACTCTACCA 1620
 AACTCTCTTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA 1680
 10 TAGTACTTCC TTA CT TAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA 1722

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 15 (A) LENGTH: 5521 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCACT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG 60
 25 GAAAGCGAcC ATTyCAATAC GAaTtGTGAt AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA 120
 ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGT TTTTTTTA GGGATTTATG TCCCAGCCTG TTTTTTGTGA 180
 TTTTAAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTGTATAGA TTGTATTTAA 240
 30 TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT 300
 CGATACAAAG GGTATTAAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC 360
 35 ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GGCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT 420
 ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAAATG 480
 TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTTGAT 540
 40 GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT 600
 TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT 660
 GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA 720
 45 ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA 780
 GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA 840
 CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTCCGCCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT 900
 50 TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCATTGT TAAATGGGTA GGTGCAACT 960
 AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTCTCTA 1020

55

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGTT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAAATTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTGCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATtAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTGGG ATGGTGTACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
30	GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
	AATCACGACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TGC GCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTTGTTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTc ACTGCAATTC	2640
50	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTAAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC ATTCATCATT AATATTGTGC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCa	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGTTTTATT ATGCTTACCA TTACATTTTA AAGTAACTAA AATACCTGAA GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC GTTAAAAGTT ATTATAGATT ACTTCAAATT ACATATGGAA GGTGACAAA	3000
5	TATTTATAAC ATCATTATTG ATTATGGCGA CAGGTTTTTC ATATACGACA CTTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA CAAAGTATTT CCGGGGAAAT CTGAAATATT TGGTATCGCT ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG TGGTATTATT GCAACGCTAG TTTTACCTAA AGTACTTAAA TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT GTATTATTTA AGTTCATTTT TATTTGGCAT TGCTTTGTTA GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAAATAT TGTCATCATG TTCATTTGTA TTACATTGAT TGGGTTATTT AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC AAATCGCGTT TATTTTCAA ATAATGTTAA AGATTATGAA CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT TaTTATGATG GgATAGAGGT ATGaTTCCAT kGGGAAGTCh ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG ATGTGTTTGG CATGTGTTAGA ACTTTTTTCAA TAATGGGAAT AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA TGGTATTCTA TTTTATAAAT AGAAAGTTGA AGTTAAAGTT GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA TATCTGAAT GGGCAAAGGC AGATAGAAAT ATTCAATATC GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT AAAGAACGTA TTTACCCCGA GCAAACATTT ATTTGCAAA AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT CAGTATCATA TGCATGTGTT GACTATTGAA GTTGTTAGAA AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT GAGTTTACAG GTGATATTAC TTATTTAAAT AAAGGTGAAA CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA GAAGGTTTAT TAGATGTGTT GAATCATGAC TTTGATATCC CTATTTTACA	3840
30	GCGACTACGC GAAGAGTTAA TACACAGTCG AGATAGTTTA GTTGAAACAT ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA CAAACGTTAA TAAGTCmaAG TTTTAAATTT TCAAGGTTAC CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT TCakGGTtAC AACATGTAAA AGATAGTGAT AAGACAGATG ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT TTGGTACCAG AGGGGCATCC AACACACCCT TTAACCAAAA CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG GAAGAAGTAC GAGCATATGC ACCTGAGTTT GAAAAAGAAA TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG ATTGAAAAAG ACCATGTTGT GTGCACAGCT ATGGATGGTA ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT GAAATAATT CCGAATACTA CAATCAGATT CGTGTGTTTT TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA AGTGAAGACT ATAGAGCGAT TTTAGTACAT CCTTGGCAAT ATGATCATAC	4320
45	GATAGGGAAA TATTTTGAAG CATGGnTTGC TAAAAAATA TTAATTCCAA CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA AAAGCaACTT aTCatTTaGG ACGATGTCTT TAATTGATAA ACcATACCAT	4440
	GTTAAGtTGC CcGTCGATGC aCAAGCAACA AGTGCCGTTA GAACAGTCTC AACTGTGACT	4500
50	ACTGTAGATG GACCAAAGTT AAGTTATGCT TTACAAAACA TGTTGAATCa ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG CTATGGAACC GTTCGGTGAA TATGCAAATG TTGATAAAGA TAGGGCACGT	4620

55

EP 0 786 519 A2

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTTATTGA ACGATACGCT 4800
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGGGG CCACATTTTG ACaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGATC AGATATTAAA 4980
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGC¹AAA ATTCCAACAT 5040
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100
 15 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160
 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220
 TTGTTAAATA TGAGAATGGA AAATAAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAGC GTTAGGTATC 5460
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520
 A 5521

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1261 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CAAAAACAG ATGATGATTT 60
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTT aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGGTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT 240
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300
 TGATTAAC TA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAA¹AAC GTTGGCAATT CATATCAATA 480

55

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAAAC TGAT CAAGCAA CT TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AAACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTCGT GGTAAAGAAA ACACTGAAGT CACTTTAACT 960
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020
 15 AGTGTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140
 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAAATGGCA 1200
 20 AATATTTTGA TCGATAAAGG AAAAAGTGTG GTTAAAGTAG AaAAAGGTAA AGATACTGAA 1260
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2488 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AaAGAAaAAT TACTAAGATT AAATCnTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTATATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180
 AACAAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAAtA TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTAaAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTTCATCTC TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTGGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGGG TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGACTAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTGTCGG CGCTTGTTAT ACAACGTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
35	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCGGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCGA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400
55		

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- 5 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

10

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

15 TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA 60
 AAAATGAAA AACTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC 120
 AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA 180
 20 AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTTGTGC 240
 AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG 300
 GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAACTGTAAC CACACCATAA 360
 25 AACTAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGACTA GTCAGTTTTG 420
 ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTAAAT CTTATTTTTA CGGCCTTTGT 480
 TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTTGTTTAC TTTTAGATGT CGTTTTTGGT 540
 30 TCGTAATAAA TTTTGT TTTT TAGTTTATCA GGTAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA 600
 ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA 660
 TGTCATCTT TTAATGGTT TGGAATTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT 720
 35 GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCCGATTACT 780
 GCTTGGCTTA GTGGAATTCT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA 840
 40 GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA 900
 AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT 960
 AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA 1020
 45 TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT 1080
 TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT 1105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 579 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5 TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA 60
 TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT 120
 ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC 180
 10 ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA 240
 ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTTACG TGCTGAAGAC 300
 TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT 360
 15 AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTT ATCAAATkGA 420
 TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG 480
 ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTAAT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA 540
 20 TCTTCTACTT CGTTAATTTC ATCCATCATT GAnCAAAAG 579

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 1342 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGAATTACAT 60
 35 CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTcTA 120
 GGtTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CtTGATACTy CTCTTGATAT 180
 TTTCCAGCTT TAGCATTTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT 240
 40 TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT 300
 AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA 360
 GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA 420
 45 AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA 480
 TTATTTTACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTCAGCAA GCAACTCTTC 540
 AAAAATTTTCG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC 600
 50 AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC 660

55

5 TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840
 10 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTCTCTTT CATCTTTACT 960
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020
 15 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140
 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200
 ATAAAGTACA TACCAAACTA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTCCATA 1320
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1073 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

30 CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTA CT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAAATGGCC GTAAAGTTTT 120
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180
 TGATCTKTTT TTTCGTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240
 40 AGTTTAAATA TAGCTTCAnA TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300
 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420
 45 TATTAGTGTT TCTAAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480
 ACGTGAAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTA CT 600
 50 TAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

55

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTCG 840
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGTtAA GAGCGCCAa AACATTTACA CGCGaGATA 1020
 10 TTATAGaGAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60
 AAATGGCAAA TGGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCATTAAT ACCCCAGTTG 300
 30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360
 TTACAAATGC TTGGAAATAA CTGATTTGAT CTACTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480
 35 GCACACTAAA TAAATGTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540
 GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600
 40 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTTGTTT TACCAATATG TAAAATCTCT AAGAAGCGTT 660
 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840
 TACCTTTTaT TAATTCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTAAAGACA TGCTAGTTAT 960
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AACTACAAT 1020
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

EP 0 786 519 A2

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTAA TAACTGCACC ATTTATTCCT	1560
15	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAAATGc GCATTTTaCG CAGTGCTTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AACTGCGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACAACC GAACTATAAT AATGAATTC TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTCGAT ATGATGATTC TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACAATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCACAA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTGTTT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGTTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTTAATTTC ACGTATGATTA 3060
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAkATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2109 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

20 TCTTTATTTT AATTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACTTCCT 120
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300
 TTTCTATTTA TTTTGCCTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AgAATATACA CATATTATTA 540
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCATTTAGC TGACTtCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840
 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900
 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTTGTTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

EP 0 786 519 A2

	ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTT TATCAGCAAC	1260
	AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT	1320
5	AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT	1380
	CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT	1440
	AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC	1500
10	ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT	1560
	ATCACTCTCT CTTCCTATTT TTGAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT	1620
	ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTTAAA TTAATCGTCA	1680
15	TGCGTTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA	1740
	TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAAGT	1800
20	TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT	1860
	AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT	1920
	TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT	1980
25	CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TTAATAATGAA	2040
	TAAAGCAGCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATA GTkATTGTTT TTAATAATCGT	2100
	TTCAAAAAGA	2109

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 813 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
35	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40	GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTACTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT	60
	ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA	120
45	ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAGAAG AGTCACTAAA	180
	GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG	240
	TATATGTACA GTTTCTACGG TCATGCATTT TAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA	300
50	AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC	360
	TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG	420

55

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GACTAGATAA 540
ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600
5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCTTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660
TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720
GTTTTGTACA GTACATTAAC ACAAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780
10 CCATTATAAG AACAAATATAT ATCGAnTAAC AAT 813

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 640 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60
25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120
TGTAATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180
AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240
30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300
GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360
ATTATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420
35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480
TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTIAT 540
40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600
GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAACTAAT 640

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1159 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAC 120
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300
 TTCTATTTTA TTTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAG CAATTGTAA ATATTTGCTT TTATCATTTG ATAATAAAAA 480
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTAAATTT 660
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780
 CTCCTCTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900
 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TTAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020
 30 TTAAATTTT AATTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTGCAAATT 1080
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGATGA AATCACCAT TAATCTTCA ACATGTGCAT 1140
 TAAACCCCTT TTTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1879 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

45 TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTG TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

55

	ATCAGCTACT GAAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTGAAG TCATGTCTGC	360
	ATTTGGAACT TGTGGACTAT CGCTTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT	420
5	CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT	480
	AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTG AAATAGGATA	540
	ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACTTAG ATTGCTTTTT	600
10	TAGTTTGAT TTTTAACTTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAAATGGT AAAC TAGTAA	660
	CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACTAC	720
	GTCAGATATG CATAGTCATT TCTTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG	780
15	TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG	840
	AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGACCTT ATAAACGACA	900
20	TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA	960
	ATTCAAGTTT GGTTCATCAT TTTTAACTCG TTCAATTGCT TTGGCAGCTT TTCCATGGTT	1020
	ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT	1080
25	TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA	1140
	AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA	1200
	ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGATTG TAATTTATCA	1260
30	TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC	1320
	TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA	1380
	AACAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA	1440
35	GCTTGATCAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT	1500
	TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC	1560
	ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT	1620
40	GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT	1680
	ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTTGA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT	1740
45	GaACGGAGAG AAGGGGTGTA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC	1800
	ATaTCCAGAT aAGCCatGGG tATGACAATT aTGGTCAAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT	1860
	ATAGTTATTC ACCATTAGG	1879

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2710 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

	AATTCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTt TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGC AAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTt ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCCTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTtAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TgnTTTCTGG CTtGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGCAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCa CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CTTTGTCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTTAATACA CAAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTTAAA GTGACCAAAC CCAAACTAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

EP 0 786 519 A2

GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTAAGTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAAC 1680
 AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATAAGTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC 1740
 5 TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT 1800
 GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATT TTATAGATAA 1860
 TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TGCCTGCCTA 1920
 10 TTTTCGAGCGA TTCGATTTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA 1980
 TGAACCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTTCTAAT GCAGCTATTA TTTTTCGACAG 2040
 ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA 2100
 15 TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT 2160
 ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTIAG TAAATACAGA TGAATAAAT CTTTAAAGGC 2220
 TTATAAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA 2280
 20 CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT 2340
 TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT 2400
 TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTAA 2460
 25 TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG 2520
 TTACAGAAAT TTCAACAAC TTAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG 2580
 30 AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAWA nGGGskCTAA 2640
 AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATT GGGGGAGGAC 2700
 CTAAAAAAGC 2710

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1027 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45 CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAaGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT 60
 AAAAGGtACC ATTaAAATag TTCCGATTGT ACCATCCCAC GTGAAaTTTT TagTAtTGCC 120
 GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC 180
 50 GCCCTCACAA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTTGAAG GAGTGTGGTT TGATTTTAGG 240

55

EP 0 786 519 A2

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360
 ACCTACGAAG TACTTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTC 420
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCTTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTTACTG 600
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660
 CATTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTT ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720
 TAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAACT AGTACATTAG GAGTTTTGTT 780
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTTGAA 840
 AAAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900
 CGACATAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960
 20 GTGCTATTAA AATAATTGTT AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTAaTA CGCTTTTAAA 1020
 TCCATAA 1027

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 569 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

35 CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240
 ATTTATGTTG CAGCAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACCTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480
 50 GTGCGAGCTG CTTTGGTAA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540
 ATGTTGTCAT GTGCCACAT TTGGTATTG 569

55

EP 0 786 519 A2

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3264 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10 TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TAnGGCGGGa AAATAGGaGG 60
 TTATATAGTA AGTCATTTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG 120
 CTC AATAGTT TGTTAAAGCC TTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT 180
 15 TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG 240
 TGTAATTGTA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT 300
 AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG 360
 20 TAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT 420
 ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT 480
 TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA 540
 25 TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCTTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA 600
 aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAA AGCCAGGTGA 660
 AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT 720
 30 TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTTCTT AATCGCGGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC 780
 AAGATTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT 840
 35 ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTG CACCTTCAAG 900
 TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCAACAAGC 960
 AAATGTAGCA GGTATTTTAC TATATGACAC ATTAAGAGAA CAACTGGTA GCGAAgcTAA 1020
 40 AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG 1080
 GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAAGCCA TTTTAAATAA 1140
 TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG 1200
 45 CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT 1260
 GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC 1320
 ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTAAAGTATT AATTAGAAAT 1380
 50 ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGTG GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT 1440

55

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAT CACGAaGTAG AGCATGACma CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGatG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAALaATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAAAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAAAAT TTATGGCACA	1980
15	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCCCGG TAAATAACGA GACGTTTGT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTCGTA ATACATGCTC GTTCCCATTT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTTCT GAAAAGTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGACGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCAAATAG CTTGTTGAAT ATTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTCGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TCGTAACAA CATCGCCTTT CTTTgACCA CTTATATAGA	2940
	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
45	CTAAAATGAT GAGCGTGTC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

```

AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAAGTGT CATGACAAAT TGATAAAACG      60
AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTkTCACCTT TAATCACAGC      120
ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA      180
AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC      240
GACGTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC      300
TGTGTCTAAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC      360
ATGCTTAGTT GGAAGACAT TGTCAACAGC TCCTGCAATT GGAGACACAA CTCTCTCTTC      420
AGTTGGATTA ATACCAAAAC CTTGCGCCAT CATTTTTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT      480
ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGCATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC      540
TTCTTTGCCT TTTCCGAATA ATTTTTTAAA CATACTTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT      600
GATATTAAAT CGCCATAACC CAATTCTTCT AACTTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA      660
GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT      720
CCTAAATGAC TATTTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTTG      780
TCGACTAATT CTATAA                                     796

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

```

ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT      60
TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTT CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA      120
TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAACTTTT CCATTCTGT CTAAAATACC      180

```

EP 0 786 519 A2

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTGATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTCAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTAAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTCGTCAAC	540
10	TTTTTCCAG TTAACATACAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTLAGGTAA TAAGCGTGT CCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGTTTG GTGTAGTCAC AATTTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCCT TTTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATGTGTT CTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTTATGATG	1020
25	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTCTAATG CATCAAATGC	1080
	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTTGGCAAGA CTCACATACA CCATAAACTT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTCACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAAC	1560
40	TTCATTTTAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTCCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTTGTATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
50	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

EP 0 786 519 A2

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160
 5 TAATTCTTTA TAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACCTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTGG 2460
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580
 ACCTAtCAAG ATAcCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAAATG CTTATTTAAA 2820
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880
 25 GTGATACCTT CTGTTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000
 30 GCAATCATTa CAGGTTGTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060
 TCACTTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120
 GTTTGGAAAA GACGTTTTGT CTTGTGTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAATAACC 3300
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGCTAAAA 3360
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1123 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:
 55

CCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCTTTT GATTTCAGAT 120
 TGTAAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTAAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACCTTTT 300
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTTGTT GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360
 10 ACTTGTTTCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATG CTCCTTATTT 420
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTTGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTCA TATTCTTGA ACACCTGTTT 600
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660
 TAATTCAATC GCTTGTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAATGCAAT 720
 20 TCGTAGTGCT TGAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTG CTTTTCAGG 780
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTCGCG 840
 25 ATGTGCTTCG ATTCTTCGAG CTATCTGTTT TGAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCTTG 960
 TGTGTTGCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 838 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

45 TATATCCTCC AaACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60
 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180
 50 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240
 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

55

CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT 420
 GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA 480
 5 TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT 540
 AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT 600
 CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTTGTTTAAC TTCTTTTTTA 660
 10 TTTTTTGGAA AATAAAGTTT TGAACATAAT AAAATTGAT TATGTTTAA CGAATTTTGA 720
 TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGGTAAATAT GACTTCAAAC 780
 TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAGGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT 838
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 1150 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

nGTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG 60
 TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT 120
 30 TAACTTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAAT TATTAAAAAT ATAACATCG 180
 CTTGTACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC 240
 35 CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTGTCAT GATTGCATAT TTAAATCTG 300
 GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA 360
 TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTIGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTTATTAT 420
 40 CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA 480
 TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCAGGAGG ATAATTAATT 540
 GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC 600
 45 CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT 660
 ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC 720
 50 CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA 780
 CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTGA 840
 ATTGATTTC AATCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT 900
 55

AAACCATTTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020
 ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTaCa 1140
 GgtATTGCAA 1150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 797 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180
 25 ATGATGGCAT TGAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAAATTAG 360
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTTATGAT GAAACGATTA 480
 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540
 35 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATACTTTy ATCAACTAAT AAATTATGAT 600
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCCGAAAAA 780
 TAATAACnTT TTGGATn 797

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTCG	60
	ATGATTTTCGk CACAAATCGA TGCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TGCGTATTTTC	120
5	ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT	180
	AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT	240
	CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG	300
10	CTTAATAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG	360
	CATCCACATG ATTTTATTC CTTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA	420
15	CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT	480
	TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT	540
	GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA	600
20	GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG	660
	TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT	720
	CAATCATAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT	780
25	CCTAGAGAAA TG GTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTTG	840
	ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA	900
	TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT	960
30	AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT	1020
	GCTAACAAAG AAGCATTTAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA	1080
35	GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG	1140
	TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACGTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTAAACAGCG	1200
	TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT	1260
40	AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT	1320
	AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTAAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT	1380
	GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT	1440
45	AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC	1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTTAT TAAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGCATAATT CGaTGtAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAATAAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
30	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATTT TAAAAGTGCA TTAAAAATAA ATCCTAAAAA	900
	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAAAATA TATTGAGGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTTT AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTGTTGAC TCATAACCAT CATGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
45	GAATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAAT GACTACTCAG	1620
	AGGTTATATT CTAATAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAAATCAA	1680

55

EP 0 786 519 A2

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTTA ACAAATAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAATCCA 1860
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCCTGATTA GCTACTGATT CTTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160
TCTACTGGTT GTTTCTGTAT CTCTTCTGTT GGTGACCCT CGCCAACTTT TTCACCTGTT 2220
15 AATGGGKTCA CTGTGAWTGG TGKTGTGAWT GTCYACTTC CTGGKTGTCC TTCTTGTTTC 2280
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 4733 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
25 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180
AATGAGGAGT TTAATTCCTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540
GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTCTGACGT AAAAAACAA 600
ATTCYTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGGAAATATGG 720
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

55

EP 0 786 519 A2

	TTAGCTTGCG GAGACCGTAC GATAGTGTTT TAATAATAGA TATTCAAGGG AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA CCAGATGATA ACTCAAGAAC CATGrTTTAA GAGTGTTATC AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT TGAAAGATTG TATATTTTGG AAGAAAGCTT TTATTyCTGT TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC TGGTGTTTCT ACTTTTTTAGG TTTTATATTA AaACAGATAA CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA GTATCTTCTT AATTTGTTTA GGAACGCTT CTATCATTTA TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT AAATATAAGT ATGAAATGTA TAAGTCACAG TTAGATCTAA GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTTAT ATCTCCATAA AACGACAAAT TCAAGCCCGA CATAAAACAG CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA ACGACAATTT CAGCCCGCCA TTGACTAAAC ACCACATCCC AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT CTACATCAAT CAATCCAACA TCCCTCATAA TCACAACGCA CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT TTGGAATACT TAGTATTACA AATAACGATT TTTATTTCATC TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT ACTGAAGGCA ATTTTTATGT ATTACAAATC TAATCGTACA TGTAAAATTT	1500
	TGATAAACAT CATTAAATTTT GCGTAACTAT CATTAGATTA CAAATCACAA AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC ATCTATACAT CACATTTGAA GGGAAATGaa TATAAATGAC TGATAAAAAG	1620
25	TACACTGCAG CCGATATGGT TATTGATACT TTGAAAAATA ATGGGGTAGA ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCGGG GTGCAAAGAT TGAATATCTA TTTAATGCTT TAATTGATGA TGGTCCTGAA	1740
30	CTTATTGTCA CTCGTCATGA ACAAACGCC GCAATGATGG CGCAAGGTAT TGGAAGATTA	1800
	ACAGGCAAAC CGGGTGTAGT ACTTGTTACA AGTGGTCCTG GTGTAAGTAA TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA CCGCAACATC TGAAGGGGAT CCTGTATTAG CGTTAGGTGG CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT TTATTACGAT TAACGCATCA AAGTATTGAT AATGCTGCGC TATTAATAA	1980
	TTCATCAAAA TATAGTGAAG AAGTACAAGA TCCTGAATCA TTATCAGAAG TTATGACAAA	2040
	TGCAATTCGA ATTGCTACTT CAGGAAAAAA TGGCGCAAGT TTTATTAGTA TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT TCACCAGTTG AATCTAAAGC TATATCACTT TGCCAAAAAA CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT GAACAAGATA TTAATGATGT CATTGAAGCG ATTAAAAATG CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA GCTGGTATGA GAAGTTCAAG TGCAGAAGAA ACAAATGCCA TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC ACGAATTTAC CAGTTGTAGA AACATTCCAA GGTGCAGGTG TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA AATCATTTCT TCGGTCGTGT GGGCTTATTC CGCAATCAAG TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT AAAAGTGATT TAGTTGTTAC AATCGGTTAT GATCCAATTG AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG AATAAAGAAT TAGAAACACA AATTATCAAT ATTGACGAGT TCAAGCTGAA	2520
	ATTACTAATT ATATGCAACC GAAAAAAGAG TTGATTGGTA ATATTGCTAA AACGATTGAA	2580

55

EP 0 786 519 A2

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAA ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAACTTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAATCTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAATAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAAGTGA ACGTATGTCA AAGGTTTCAGT CGTTGGTTTT	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTCTACTAAA	3960
	GCAAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAAATAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTT CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380

TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTAC 4560
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGAAGATAA AGTAAGTTCC 4620
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180
 TTGCGAATCT AACAAACAGT TGTGATCAT CGTATTTTTC CCAAACAGCA AATTTAACTT 240
 30 TTTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAATAAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATT 360
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420
 35 TGCCTGTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480
 TGTTTCGGTT CATTATTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTKc 540
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTgt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660
 TGCTTACATA CTTTGCATAA CTCTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACTGA 960
 TTGGTTGTG TTCCACCTaC TAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAT AAGATAAACC 1200
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1072 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAWTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATTT 60
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120
 TTTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTC TAAAAATGA 360
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCTTTTA AAGATTTAAA 780
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900
 45 CTTGGTGACG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960
 ACaGCcTTcG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAAT TTAAGgTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCGT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTGT AAAC TTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTCATTT CCGTATTTGc AGTTTTTCTA TTTCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TTGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTG GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTCGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGAATAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTTAAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

EP 0 786 519 A2

	GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC	1680
	ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA	1740
5	GGCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT	1800
	TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTC ATTGCTTGTC TATCACTAGC ATTTTCAAAA	1860
10	GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCCTGGTC CAATACCAGG ATAATCAAGT	1920
	CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT	1980
	TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA	2040
15	TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA	2100
	TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT	2160
	CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT	2220
20	CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA	2280
	TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAACCTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA	2340
	CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGACCA AGTAATFCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT	2400
25	TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAA TAATGCAGCA	2460
	ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCACTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG	2520
30	CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GGCGCCTGTA	2580
	TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT	2640
	GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCCT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT	2700
35	CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCCCTT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT	2760
	GGCATTAAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTCAC CAAAGAAACC TAATTCATCT	2820
	GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC	2880
40	TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCAT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC	2940
	TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAACTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCTCCTGC	3000
	TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT	3060
45	ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT	3120
	ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA	3180
50	ATATkTCTTT TTAATTTCCCT GTAtAAAAAtC AATAGATTct GtGTAActGT ATTGTGkTAA	3240
	wTGaCGwATg CtTAAwACgT GTGCCAATGG T	3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

(A) LENGTH: 1553 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATcCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTTAA CTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTcCACAA AAAAgAAAAT TAGTCTTTTT GCGTTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTC TTATTATGTT GATTTTCTT TAGGTGTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCCTTCT AAACCTTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
40	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
	TACGaTGGTG TTAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGawTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAAA TATTATTArG ATTCATTTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAgTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
55	AAATCTGATG TCATGCACGG TGACTATAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
5	AAACAGTTGG CATTAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTTAA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
10	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTCGCG GcmAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAAtTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
15	GCTTGgTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAAA GATTTAGTTA TTGATTTACA	480
	AAAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTcAGAA TTACACAGGA AGCAATTTcG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
20	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTTA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
25	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTC	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
30	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAAATG TTAACCTAGTT	1080
35	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
40	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
45	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTACTCTAA	1320
50	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAC GGTAAAGACA CATGTGAGTA	1380

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGThGGCGG	ACGTAAAGGA	CATGTTTATA	CTGATGATCG	AGCATTAGAT	ATTGATATCG	60
TTCCGCCTGC	TCAAGCAGAT	GGTAAAGCTA	CTAACCCCGA	ACAATTATTT	GCAGCAGGTT	120
ATGCATCTTG	CTTCAACGGT	GCTTTCGACC	TAATTTTAAA	GCAAAACAAA	GTGCGTGATG	180
CTCATCCAGA	AGTAACACTA	ACAGTGAGAC	TAGAAGATGA	TTCAGACTCA	GAAAGTCCTA	240
AATTAAGTGT	TTCAATTGAT	GCGACAATTA	AAAATGTTAT	ATCTCAAGAA	GAAGCTGAAA	300
AATATTTACA	AATGGCTCAT	GAATTTTGTC	CATATTCAAA	AGCGACTCAA	GGAAATATTA	360
ATGTCGATTT	AAATGTAAAT	GTTGTAGATT	AGCATTAACT	TAAAGAGATT	ATTCAACGTT	420
ATTAATAAAA	TTACATAAAA	ATTCAAATt	stCrAcCAAA	AATTTTGGT	TGGyTATTTT	480
TTCTATTCGT	GATTGAAATT	TCTGGCAATA	TTAACTGAA	AATGATTGTA	CCTTAGTCAT	540
CATAAATGTG	ACCGGTTCCA	ATACTGGCTT	GACTTCTTCG	CATACCGTCT	ACAAATAAAA	600
GTCCAGTG						608

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAtT	TCTCCCAAgA	TTTACGCATG	TCTGACCAAA	TGTCAATACA	ATACCTGAAT	60
AATGATTTCT	GGAGTAATTG	CGAAAAATAT	TTAAAAGTTG	CTATAGATCA	ATTTTCAAAT	120
TATAGTATCT	CATCTCAAGT	TTCTAACTAT	CATTTACAG	TATTACTTGG	AGATCGCCAA	180
AAACCACTTA	TGTATCTAAA	TAAAAATCGC	GGTGGTGATG	GTGGCATACC	AGGTTATATT	240
ATGATTTATT	TAGTGCCGAG	TACAAGTACA	ATTAATTCTA	TGAAAAGCTT	AATTGCACAT	300
GAAGTAAATC	ATAATATGCG	CTATCAATAT	ATTGATTGGG	ATGGCGGAAG	TTTGATTGAA	360

EP 0 786 519 A2

ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT 480
 ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT 540
 5 GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA 600
 TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTA CAAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT 660
 ACAACACTTC CAGCACAAAA AA 682

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2574 base pairs
 15 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTC 60
 ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA 120
 25 AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTTG 180
 TGGCTTTGGA TTCACTTCTG AAGATTTGCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC 240
 CTGTAATTTA GGCATTGAT TTTCGTGTTT CATTAAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG 300
 30 CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCTT TGTAATTGAA TTAAAATAA CATGCTTCAT 360
 GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT 420
 35 GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC 480
 AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT 540
 ATCGATATCT ATTTTTGTAG ACGGCACTTT AAAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG 600
 40 TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG 660
 ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG 720
 TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTCATC ATGTTTGACA 780
 45 AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA 840
 TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAATATAA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT 900
 TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT 960
 50 GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT 1020
 TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC 1080

AAATCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAACAA 1200
 GTTCATAACG TGTTACACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA 1260
 5 TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC 1320
 ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC 1380
 TTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC 1440
 10 ACAATTTTCA CATCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC 1500
 TACAACCTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTC ATTACATCAC CCTCTTTATT 1560
 TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT 1620
 15 CATTAAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTAATTATTA AGTAATTTGC 1680
 ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA 1740
 20 AATTAATTGT ATTAACCTGC ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTTGC 1800
 TCAGCAACAT CTACAACCTT ATTTGAATAA CCCCATTTCAT TATCATACCA AGCAATAACT 1860
 TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA 1920
 25 TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTTGA CTCTATGAT ACCTTCTAAA 1980
 CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCACTTA CTCTTTTTTC TAAATCAACA 2040
 ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA 2100
 30 CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTCGCCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA 2160
 ATGCTTTTCAT TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT 2220
 TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AAACTGATTA 2280
 35 TTTAAACTTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG 2340
 TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT 2400
 40 CCACCTTTTG NAGGACCAGT TAACAAAAst TTTtGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG 2460
 GCTTTATCAC CATGaTTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT 2520
 TTCCATGGCA AGTTTTTCAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT 2574

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3326 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

55

EP 0 786 519 A2

	CAAGGTACCG GTTTAGGTTT GTTCATTTGT AAAATGATTA TCGAAGAGCA TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA AAAGCGAATT AGGGAAAGGC ACAACATTTA TTATTAAACT ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT GAATATAGTT ATTTCAGAAC GCATGTTATT GATTAGAGAC TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT TTTTGATTGA TGTGGGGAAT TTTGTATGTG GATTAGAACT TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA ACTATTAAAT ATATTACTAA TTTATACAAA AATATAAAGT TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG ATTATAAAAA TAGGGTAAAA TATAGATATA TTGTATTAAT TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT ATGAAAAAAT TCATTGGATC AGTTTTAGCT ACGACATTAA TTTTAGGGGG	420
	ATGTTCCACG ATGGAAAATG AATCAAAAAA AGACACAAAA ACAGAAACAA AATCTGTACC	480
15	AGAAGAAATG GAAGCTTCAA AATATGTAGG CCAAGGCTTC CAACCGCCTG CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA TTTGCGAAGA AGCATCGTAA AGAATTTGAA AAAGTAGGTG AACAACTCTT	600
20	TAAAGATAAC TTTGGACTAA AAGTTAAAGC TACAAATGTT GTAGGTAAAG ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT GTGCATTGTG AAGATCATGG CATTGTATTT AATGCAAGTC TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC ATCCATCAAA AAGGATCAAT GCGCAGTAAT GACAATGGTg ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG GGTACAGTGC TGAGTGGCTT TGAATATCGA GCGCAAAAAG AAAAGTATGA	840
	TAAC TTATAT AAATTCTTCA AAGAAAATGA AAAGAAATAT CAATATACAG GCTTTACAAA	900
	AGAGGCAATT AACAAGACAC AAAATGTCGG ATATAAAAAT GAATATTTTT ATATTACATA	960
30	CTCTTCTAGA AGTTTAAAAG AATATCGAAA GTATTATGAA CCACTGATTC GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT AAAGAAGGAA TGGAACGAGC AAGAAAAGAA GTGAATTACG CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT GCTACACTTT TTTCTACTAA GAAAAACTTT ACTAAAGACA ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC GAACTAAGTG ATAAATTATA TAATTTAAAA AATAAACCAG ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA CAAATAGGGA AACCCTAT TAATACTAAG AAAGCCTTTT ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA GAATATGGGG TGCACAGTAA AGATGAATAA AATTAATGAT AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG TAGTTACTGG GTTTATCAAA ATATTGATAT AAAAAAAGAA TTTAAAGTTA	1380
	ATGGA AAAAG GTTTAAACAA GTAGACAGTT ATAATGATGA TAAGAATAGT AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA TATTAAAATA TATGAGTTAT TAGATGATAA AAGTAAACCA ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT TTATCAAGGA ACATCTAATG AGGCAATTAA TCCAAATAAT CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT TGGAGATGAT TGGCTCCAAA ATGCTAAATT AATGAATAAT GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA TTTAAAGCAA ACAGATCAAT TATCAAATCA ATATAAATA AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG ATTATCAAAT AGTGATTTTT TAAAAAATA TAGAATGGAA TCAAGTAACT	1740
55		

EP 0 786 519 A2

	ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT	1860
	ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAAAGTAA AAAAAAGTAA AAAGACTATT AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTCGATT GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TCGGTTGAGT AAAGTATTAA	2280
15	CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA	2340
	TCTCAGAAAA TGAAAAATAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT TAACTTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA	2460
	ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA	2880
35	AAATGAAAT ATTAAGAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC	2940
	AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA	3000
	CAATTCCTCA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAACT AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTCTTAA TGATTTAAAA GCAGTGTACAC	3180
	CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA	3240
45	TGAYATWTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG CGTTTTTATAA AGGTTG	3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5301 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTCAATTT CAAAATCATG CTCTTTCAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TATTTTGT TTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAT	300
	GAATTATTAC TTATTCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTAAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT CAATTTAGAT CaTAcTAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATTC ACAAATACGA	660
25	CATTGCTTTC AAACAACCAA ACAAAGAACA TATGGATATG CCGGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTTGCCAA ACTGGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTCTTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTTA TTATGCTTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTTGTCCG ATTTATTGTA GAACCACTAT AATTTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCGGTAT GATATTTCTA	1440
50	AATTGTCGTT CTCGTGTAAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
	TATCTTAGTA TGTTCAATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
55	AGGCGATACA ACATGaTCAG CAATTGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTA	TTTAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTGGTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATTT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCGTGTA	AATCTTTTCGG	2040
	ACCTTGTCTT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TTGTAACCTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCACG	2100
	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
15	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCTT	ACAACCTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCAACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATTT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTGGAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTCTT	CAATAATGTC	2820
	TATCATCTCT	ATTTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTCAATT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATTCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTTAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTTATG	ATGTCTTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TCGCACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
50	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCTATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

EP 0 786 519 A2

	TTTAATGCGC	CGATGTTGAT	GACCATGTCA	ATTTTCATCTG	CACCATTTTG	AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA	ATGCTTTCGT	CGCAGTTGTC	GATGCACCTA	ATGGGAATCC	TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA	CCTCTGAATC	AGCTAGTCGC	TCTGCTGCAT	ATTTAACATG	CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG	ATTTAAAATG	GTATGCTTTC	GCTTCATCGA	TGATTTGATC	GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT	CAGGCTTCAA	TAAAGTGTGA	TCAATCAATT	TTGCACTATT	CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT	ATGGTTGATT	ATAAAAATAC	GTTTGTAAT	TAGTTGATTG	AGCGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT	ATCAGGTTAG	ATGTTGCTT	TTTATGTAAC	CGCATACATA	TACTATTACA	3900
	TTAATTCATT	TCCCATAAAC	AAACAATACA	ATTGAACGTG	ATATCTTCAT	TATGAACGAT	3960
15	GACTTGACAA	CAAGCTAATC	AGGATTATAT	TTTTATAATT	CTTTAATTCT	ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAA	AAAGGGAAAC	AAATGTTATC	TTAAAATTAT	TAATGAATAT	TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG	ACAAAAGGTA	CACCACATAT	TCAACCAAAT	GGAGTAAAAA	TTGCTAAAAC	4140
	AGTATTAATG	CCTGGCGATC	CGCTACGTGC	AAAATATATT	GCTGATAATT	TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA	TTTAACGATG	TACGTAACAT	GTTTGGTTAC	ACTGGTACAT	ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT	GTAATGGGTT	CTGGTATGGG	TATTCCAAGT	ATTGGTATTT	ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC	TTCTTTGATG	TAGATACAAT	CATTCGTATC	GGTTCTTGTC	GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT	AACTTATACG	ATGTTATTAT	TGCACAAGCT	GCATCAACTA	ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA	TACAATATTC	CAGGTCATTT	CGCGCCTATC	GCTGACTTCG	AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA	AATGTCGCTG	ACCAAATCGG	TGCTACTACA	CACGTAGGTA	ACGTATTATC	4560
	TTCTGATACA	TTTTACAATG	CCGATCCAAC	ATTCAATGAT	GCTTGGAAAA	AAATGGGTAT	4620
35	TTTAGGTATC	GAAATGGAAT	CAGCTGGTTT	ATATTTAAAT	GCGATTTCATG	CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT	ATTTTCACAG	TAAGTGATCA	TATTTTACGT	GACGAAGCTA	CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA	AATTCATTTA	CACAAATGAT	GGAAATCGCT	TTAGAAATCG	CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT	GACTTTAATT	GCTCTTTAAC	AATGCGATTA	AACTCAAAAA	GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA	TCCCCATTTA	TGTGTTGGCT	TTTATTTATA	TTATTACTTA	TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA	AGATTTAAAC	ATCCAATTAT	GTTTATCTAC	TGATGTTTGC	ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC	TGATACATCA	TCGCCAGCAT	TACCAGCAAT	TTCGATTGCG	TTTTCTAATT	5040
	GTITTTGAGAT	ATTTGTGAAG	TCTTGTGATA	ATTCTTCAAC	CATTTGTTCT	GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC	TTCTTTAACA	ATTGATTGCT	CTAAGCATTC	AGTTAATGTA	CCTACAGGGT	5160
	TTCTCCTAC	CGCTAAAATT	CTTTCAGCTA	ATTCGTCTAC	ATATTGGCTT	GCTTCATTAT	5220
55							

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATAACCTG AATCTAAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AAACATATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATTGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAATAC AAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCGGGTG GGAATAAAGC TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
50	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
55	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

EP 0 786 519 A2

	CCCAAGCTGC GTATGATATC GCAACTTGGG ATTTTCTGTA TTATCTACTT TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC TACTGCATAT TGATTACCGA TGCCACCAGA CATACGTTGG AAGTGACGT	1500
5	GAGGCGCTGT TGAATTACCC GTACTACCTG AATATGCAAT TTGGTCACCA GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC TGAAACAGTT AAACGATTAT TATGCATATA CCATTGGTAG TTATTACTGT	1620
	TCGCTTCTTT AATCGTTACT TGATTGCCGC CACCATAGTT ACTCCAACCT GCTTGACTA	1680
10	CTGTACCATC AGTTAATGAG TAAACTGGTG AATTTTCAGG CATTGCATAG TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC ACCACCGTGA TATTGTCCAT ATGGTTGTAG TTGTTTACGA CTTGTTAACC	1800
	AGCTTGCCTC TTTCGCATGA CCACTAGcTG TCGCTTTACT TGCTGATCCA CCATTTTGAT	1860
15	TAGATGTGCC ATTAGGATAA TTGACCTTTC CATTACCATC ATGGCTGTTA TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTACT ATGTGAATAA TAGCTCGCGT CTGGACCTAC ATTTGATTGA TAACCATATT	1980
20	GATTAATATG CTGTGGCTT TGA CTGCTGCTG TGTAGTCATT GTTATCTCCT GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA TGTTTGGCCG CTTCCATTGG CATTTCATT TTTTGGATAA CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT ATGCTCTGA GCATCTACGA ATGTATAGCT ATATTCTTTA TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT CCAGTTACCA TCAGGTGTGT GATGATAATC CCCATTAGAA TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC ATAAGATACG TCTTGTGATT GTGTGACAT TTGTGTATGT GCTTGTGCGG	2280
	TGTTTGTGCT TTCTGCTGCA TCTGCTTGAT GCGCCATTGT AAATGTAGCG AAsCCATCGT	2340
30	TGCAATCGCT GCTGCTGTTA ATTTTTTCAT GTATAAAACA TCCTCCATTA AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAA TTAACTGTA CTGCACATAC TAAAGAATT AGACAACTGA GTAAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT TTTCCAATA TTTAATATTC CCGAAATGTT TTAATAAACT CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA ATAGCCATAC ATTGATATTA AAATGACATC TCTCACTGCA TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA TTTTCAAAAT TAACAATAA TCGTTCGTCC ATGTTGCGGA TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA GTAATCATCC ATCAAATCAT ATCAACCAAA TTCCATTATC AATCGCTATT	2700
	GATTGTCATT CAACTTTCTA ATAGTGATAT GCTTCTCAGG CTTAAAAATC GTCATATCTT	2760
	TTCTATTAAT TAAATCATCT GTGAGCTTTA ATGCTACTAA TTCATTGCTG CCATAATACT	2820
45	TAATATATAA CGTTCTTGTA GTTAAATTTA TTACGGTCTG ATACATCGTA TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG CGGACGTACA ATTCCAATCG GTATATTTAC CGCATCTAAT AAATAAAATG	2940
	CATTCAATTA ATCCATTTCT TTATCATTGT TTTGAGCAAT GTTTGCTTTC ATAAATGCCA	3000
50	TTCTCACAAA GCGCTCAGTT GAAGTAAATC CACCTGGCAA TCCAAATGTA CCTGCTTCAT	3060
	TGCCTAAAGG TTCAATCGTT ACACCTTCCA ATAAATTTGC TGTTGCTGGA TAAGGAGAAA	3120
55		

EP 0 786 519 A2

	CACCAATAGG ATTATCTTTT ATAACCACTT CACCCTCTTT AAATGAAACT TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC ATCGGAAACA TGATAATGCA ATGGCGGAAC TTCACCGATG TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC AACATGTATT TGGGATGCTT GTTGTTTCAT ATCTTCAATG CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAAT CCATGTCACA ATTTCATTTT GCGTAATATT CATCGCGTCC GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA TGAACATAA CCTCGGAAAT ATTGTGTTGA AATGGCAACG CcATGtCAT	3480
10	TAACACCATC ACCATAAATA AAACCTTCCA TATCTGTTCC TGTGCCAATA AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC TGTCGTGCCA GTGCAAGATT TCCAACGATA ATTTCTAGGC GTCACTGCTG	3600
15	GCGAACCATC TAATGGATAA TCATAATCCA TCGTGCGTCC AAGAAGTACT TGATTATTTA	3660
	AAGTTTGTAT TGTGAATCCT GTGCACATTG TTCTCACTCC TCTGTACCTT CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC AAATAAGCT GTTTCACTTA AACATACTAT AAAAAATCAA TTATACAAGC	3780
20	AATTAATTGA TATTCATTCT CAATAACTGT GGTATGATAT GTAAGGAAAT CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA ACGATCATCT ATACATCCGT TCACTTCATC TCATGACTTT CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG GAGTGACATC TGTGAATAAC ACACAATCTT CACCACGCAG TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA TGTTGTCTGC ATTAACATAT TGGTTGTTTG CACAATCATT TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG TTGGTCAAAC ATATCAAACC TCTCCTGCCG TGTTAAATTT ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT TCGCCACAGG TATCTTCATG GTGGCTGCAG GTGATATTGC TGATAAAATA	4140
30	GGACAACTGA GAATGACATA CATGGGTCTC ATAATCAGTA TGTTTGCATC TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG ACATCACTGC ACTGCTCATC ATCGGTAGAA TTTTACAAGG TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT TACCTTCAAC AGTTGGCGTG TTAAATAATC AATTTAAAGG AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA TTAGTTATCT AATGATTAGT ACTGTTGGTG GCATCGGCCT AGCTGGTGT	4380
	ATCGGCGGTT TAATTGCCTC AAATTTCCGA TGGCAAACGA ATTTTCATCAT TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA TTGCCATATT GCTTCTAAAA GGCACACCTG AAAAAGTAAG TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC CATTGATTA CAAAGGTATG TCGATTTTCG CTGTTATGAT TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT TAACACAAGG ATTCGAACAA GGTGTTGTTA GTACATTTTC AATCATTTGT	4620
45	CTGAGCATT TATCaTCac TACGTTGATA TTCATCATCA TCGAACGTCG ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG ATTTCTCAGT ATTACGCAAC CGTCCGTTCA TTGGTGCATT TTAAATAAC	4740
50	TTGTTTTTAA ATAGCGGTCT AGGCGTAACA GTGGTCTTTT TCATATATGC TCAAACACAC	4800
	CTTGGTTTAt CAgcTGCgCA ATCTGGACTT GTTACATTGC CATATGCCAT TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATTC GTTTAGGTGA AAAAGCAACA TTACGTTTCG GTGGCAAATT GATGCTCATC	4920
55		

EP 0 786 519 A2

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCCTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTTGCT ATCAGGTATC GTTTCACAA	5640
	TTTCATTAAAC ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTC TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAACA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTAATGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGCACATT AAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACCTAAC AAACGACCAT ATTCGAACTC	6300
	TTTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAAAT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATTCCTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAGAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAGACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720
55		

	TGGTGTATCA GTTACAAC TGTCACATAT TTTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
15	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAACGA TGAACGCT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATTA ATAGGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
30	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCG TGCAACAACT GGCTATCATC TTTCAACTA	7740
	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
35	ATATGATTTA AACGTTTTC GTTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCATTA CTTATCGGGT TAGGCCCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTCGCCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCCTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
50	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCACTGGTA CTTCTGTTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTCTTCTT	8640
	TGCATTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACCT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTATAAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATTCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAATT	9120
	AAACAATTGA TTTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTC CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACTTAGCTC ACCCATTAATA TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTAACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATACAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCAATT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320
55		

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAGTGTT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740
 ACAAGCGAAT GCTGTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800
 15 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860
 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980
 20 GAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040
 TGGTCCAATG AGTTTAAATGA CACCAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAAGA 11220
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280
 CTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400
 TTTTTTyCTn AAAATTTTAA CmTcmCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAwT TcGCrmAaTt 11460
 35 TAwTcT 11466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 40 (A) LENGTH: 2176 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60
 50 ATTTGTATTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120
 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

55

EP 0 786 519 A2

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACAAACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTGCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAArGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
	CAATCTCAAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTAACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTa AAAGATTcAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGaA AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGA TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TGTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAACT	1680
	TCATATTTTC ACAAACTATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
50	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTTCTATG	1980
	ATTAAAAAtA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTTAGCCAAT	2040
55		

CmTyCAAArG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160
 GGATTGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

15	AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC	60
	ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT	120
20	CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT	180
	TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA	240
	AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC	300
25	ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTGA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC	360
	ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATTT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC	420
	AATTGAAACT GGTAATAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC	480
30	TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA	540
	TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA	600
	AGAATTGGTT GATTTCCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG	660
35	TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA	720
	CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA	780
	AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA	840
40	AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT	900
	TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC	960
45	AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC	1020
	CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG	1080
	GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA	1140
50	AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC	1200
	ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA	1260

	TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT	1380
	CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT	1440
5	AACAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAa TA-TATGCAA gCAAACGTTA	1500
	TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA	1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1799 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

20	GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaTGA TGGACGTAGA CAAATATGCC	60
	TATTGACGCT TTATTTTAAA AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAc	120
	CTATGAACTA TCaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT	180
25	TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC	240
	TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC	300
	ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG	360
30	ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA	420
	AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA	480
	AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATTT	540
35	AGGTCATTTc CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG	600
	GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG	660
	CATTCGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTTCGAAG ATGTAGCTCA	720
40	ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAGGTG AATATTGGGA	780
	CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAaAC	840
	AATATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA	900
45	CCCAGAATGT AATAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAAACTAAAT ATTTAGGTGC	960
	ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG	1020
50	TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT	1080
	TTAATTAAAT ACCTTTTCAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC	1140

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTTGCGCCTT 1260
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTA 1380
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACCT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560
 TTTCAAATTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTCCTGGAG 1620
 CACTTTCAAA TAGCGCAGGT ACATTTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680
 15 TACAAGATAA GCATTACcCT CACCTACGAT TCGGATTtAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1341 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

30 ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTCAT AATCTTCTTC 60
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180
 35 TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300
 CCACGTAGTA AGTTTTCAT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCCATAAA TTCTAAGCCT 360
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480
 AATACATCTA AAGCCATTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540
 45 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTC 600
 AATACTTGTT CAGCAGTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

55

EP 0 786 519 A2

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 950
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTAC GGAAAGCACG AATACCCatC AAGTTaGCTG 1020
 GGTTGTGaAG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTTT CTTTCAACC TCATCAGTAA 1080
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTAATAAACC TTTTGTTACT AATTCTCTTT 1320
 15 CAGGCATTCT AATTAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1529 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG 60
 30 AGTTGCAAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300
 TATGACGACG GAgTATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCG TTGATGATGA 420
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540
 TGTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600
 45 ACATTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720
 50 TAAAACAGCA TTAAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTATG GAATGATTAC 780
 TCGGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

55

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAGAGA 960
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGT ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020
 5 TCGAATATAT CATCAGCCAC TTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTTATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTTATGGC TTACTTAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320
 AAATAITTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTC AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440
 TATCTTTTTA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500
 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529
 20

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTTGTCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAACG ACTGCCGACT 240
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAAGTGT ATATTTTTTC ACTAACTTC 300
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360
 GCGGTCGCAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420
 CAAAAGTTCC TTTAGTGTA CCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480
 45 TCCATCCCTT TGGTAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTTGAACTT 540
 GTAATTCTAC ATTAATAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTTGTTTCT ACAGGTGTAC 600
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATT 660
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

EP 0 786 519 A2

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATGTG TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCATCTAAA ATACTCCTTT AACTGTAAAC CAAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTTAGTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTTCAATTC AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTT TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
20	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAATATA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CTTACTA	1827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 616 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
40	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTA ATGTTTGTTA TTTGTACTGT GTTGCCAGT GACATTTATT ATAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGKTGTA CTCATTCTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TCGAATCTA TTCTTTTATT	300

55

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAAGa TTGCACaATA GAAATGaTGT 600
 TCACTGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 944 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACTTAC CTTTGTACTA TGTCTTCTTT 120
 25 ACAGGAAGTG AAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180
 GTGACATTAG AAATGGGCgG TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTTACTTAACA GTGCACAAAT GAATATTGTA 480
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTGC CTATCTTACC GATTTTAACG 600
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTCACCAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTGGC 720
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780
 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840
 45 GAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATT ACCACCATAT 900
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

	TCTCCAGTAG ACCTTGTGTA TGAACAGTTT CTTTCATATG AATGAACATC GTTTTTAAAG	60
10	TTTGTTCAC CTCAGCCTTA TCAGGATAAT ATCTAGAGAC AGTCGTCTCT GGCATCTCCA	120
	TTGTATGATA TTAAACCTTA TGCAGCGACC CATGATTTTC GTTATAAACA AATGTATGAT	180
	TCAC TTCATC GAAATCATGA TCTTCTCCTG CAATCCAAAA AACTGGTACT ACTTGTGCT	240
15	TATGTGTATC CGTTAATTCC TTAGATAAAG TAATGATTGa AAATATTTTA TGAATGTAT	300
	ACAATGGTCC CCCGAAAAGC CCTGCTTGTT GTCCACCAAT CACAAC TTTT GAACCATTAG	360
	CTAAATGTTG TATGTTTAAT TCTTGTTTAC TTGAAAGCTT GAAAGCTTTA AATCACTCAT	420
20	ATATTCACGA ATAACATTCC CTAATGCCGC TTCTCTTCCA TTATTTTCTT TAGACATCCT	480
	TTTTTCAAAA CTAGTTTGTT GAGCTGCATC ATATTGAAAT AATCCTGTTA TTACAGGGTC	540
	ACTGCTCTTT ATTTTGGTA TAAACTGATC TTTTTCATTT AAATAACTA CTTTACAGTC	600
25	CATGTTTTTT CTCCTTAAGT ACGCGATTAC AAATAAGTCTA TACCGGTGAT	660
	TGACAATTTT ACGGCTTGAA AATCAATTTA ATCATGGAAA ATTTATAATA TTCATTGTTT	720
	TACATTTTCA AATCAATGAA AAACACAAGT GGTTTAATGT ATAATAATAG TAGTAAACAA	780
30	ATAAGGGGTA GATAAATATG AGTGAAATCA AACGTCTTGA AATTAATTAC AAAACTGACG	840
	AATTATTCGA AAAC TTTAGA GCGTTTGGCA ACAAAGACTT ATACATGGTC AATGAGTTAA	900
35	ACGGTCAAAT GATTGATGCA ACTTCAGATT CACCATTTTA TGGCATATTT GTCGaGATCA	960
	ATTAGGAGCT AGAATGGCAT TACTAAAAAA AGGTGATGTC GAAGAAATCT ACTTCCCAGA	1020
	TTTTGAAGAT TATATATTAT TATGGAAGTT AGAAGTATTA CCAAATATC AAAACAGAGG	1080
40	GTACGCTTCA GAATGATTG ATTTTGCAA GAGTTTCAAT ATGCCAATTA AAGCCATTGG	1140
	CAGAAATGAT TCTAAGGATT TCTTTTTACA TCATGGATTT ACAGATGTGG AAGCTAAAAA	1200
	TATAGAGGGA CATGATGTCT TATTGTGGAA ACCATAAGAT AATAATATTC GACACTACGA	1260
45	GCATGAAAAT GCATCTTTTC GTAGTGTCTT TTTTACAATT ACTTTCTTAA GCTAATATAA	1320
	GTaAATCATT TTCAAATTAT TTGTCTTAAC GTACAATATC ATTTAGTTGT TTCCATGrAT	1380
	TAATTTCATA ATCAGGTATA ATTCTGGAT TATGATCAAA TCCTCTAAaA TTAAACCAGC	1440
50	AAGTAGCTAT ACCcGCATTG ATTCCACCTA GAATGTCAGA TGTTAnAGAA TCTCCaACTA	1500
	TAATCGAGTG CTGcCTTTCA TCCTCACCAA TATCATTAaA AACATAATTA AAAAAATTCCG	1560

55

	ACGGCGTCTG	ATTTAACCTT	CTCTTTTGCG	TTTCGGTTAC	ACCATTAGTA	ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT	TTTCGATAAT	TCGACAATTG	TTTCTAATGT	TTGATCAAAG	TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC	TAATCCATTT	CTAAATAACA	CATCTGCACG	ATGCCCATCA	ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT	GAAGTAATTC	ACAAATCGTT	CTGATAATAC	TTCAGACTTC	GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA	AGCTTCCCAA	TGTTGGTGaT	TGaTTTTTTT	AAATGkTAAA	AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT	ATGATTAAAA	ACATTGCGCA	TATAGTGAAn	CGCCCATTCt	TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC	AATTGTATCA	TCAAAGTCTA	TCAAAATATT	TTTATATCCC	AATTTCCCCA	2040
15	TCTCCTATAT	TGTCTATGTA	TCTAAATCTT	AACAGAGGCT	CAAATTTCTG	CAAATAAAAT	2100
	AAACTGAGTG	CATAACATTA	AAGTATGCTC	ACCCAGTTTA	TTTTAAAGAA	TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA	TCCAAATAAT	TTACCTAGTA	AACCCACACC	GTTAGCAACG	ATGTCTACGA	2220
20	TACTTGCGCC	TAATTTTACA	CTATCATGTT	GTTGTGCAGC	ITGCACAGTA	TTTGCGATTG	2280
	CTTCTGCTAG	TCCAGTCATT	TAAATCTCTC	CCTCACCTTT	GAAATAATAC	TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT	TGAAATTAGA	ATCCGAATAA	TTTACCTAAT	AAACCTACGC	CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA	ATGCTTGTGC	CTAATTTTGC	GCCATCATTA	TTAATTGCTG	CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT	GCGTTAAATA	AACCTTCCAT	TGAAAACACT	CCTTAAAATT	TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA	ACGTGCGTag	y'TTTTAAATC	ACCGAAATGT	TATTGCTTA	ACGTTTTGTT	2580
30	GTTGTTATTT	TAAAATAAAT	TTGATGCAAT	TAGTTTGTTT	ATCCGCACAA	CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC	TGTATTTTAA	AGAGAAAAGA	AATACAGTTA	GGCATTCAAA	ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA	GTTGCCTGAA	TTCGTATTTA	AGTCTTATTG	AACCTTTTTA	GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG	TGAAAAATAT	AAACATTTTT	TATTTACAAG	GTATTGCTAA	TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA	ATAATTCTTG	TGTTGTTAAA	CGTGTCTGG	TAGCTCAGCT	GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT	AAGCCATCGG	TCGGGGGTTT	GAATCCCTCC	CAGGACGTTT	ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT	TACCAAACAA	AAGAGTTCCG	TGATTACGGG	GCTCTTTTTG	TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA	GTATGATGCG	TCACCAAAC	GTCCCCCGCA	TAAGCCCCGA	AAATACAGTA	3060
45	ATTAAACAA	GCATGCTTAT	TCGTTATAGA	ATTTTTTGAC	ACACAATTGA	CACGCGTCTG	3120
	ACACTTGTTT	ATACATTTTT	AATTAAGTAA	TTTTGTGCTC	AAATTTCATC	TATACTGCAC	3180
	CTGAACTACA	CCAACACTAC	ACCAAGATTT	TTAACACTCA	CCATTTGCAT	GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT	ATATTATTCC	TATAGATTTT	GATACTATTC	AAAATTTTAG	GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCGAA	ATCCTATAAT	TATAATTATA	TACATCTAAA	AAAAATAACC	ACGTCCATCG	3360

55

EP 0 786 519 A2

	ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT	3480
	CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA	3540
5	TGTAAACTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC	3600
	CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCCACA TATTCCAATA	3660
	TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT	3720
10	GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAATT	3780
	GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAATCAT	3840
	GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG	3900
15	TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGAACTT TTGCTTTCTT	3960
	GATTTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT	4020
20	AAACAGTCTT CTAGTTTCAT CAGTGTTCAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC	4080
	TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT	4140
	TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT	4200
25	AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTA TTGGTATTGn	4260
	TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT	4320
	ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT	4380
30	TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCAGACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy	4440
	CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCTTAA GCGGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTT	4500
	ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA	4560
35	ACCTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT	4620
	AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGTkTCC AGACATTtGG AAAGGkCTTT TGTTTATCGA	4680
	AGTGTATTAA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT	4740
40	AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA	4800
	ATTAACACGT ATATTTAATA	4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 - (A) LENGTH: 4358 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG	60
	TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACCTTGT CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC	180
	ATCAACGACA GTTAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGATTCC AAACGTTTAG GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTAATATTGT TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA TTAATCTTGA TAGCATCACT TTTAACAATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTTT	420
	GGCATCTACC TTTTGTGTTT CCTCATTAGT TGGTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC	480
15	TTGCAAATCA GGTGTGAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC	540
	ATTGCTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGGCA GTTGAAACTT CAACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTC TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGA GATGATACCA TTTCTTTTTC ATTATCATT TTAGTATTGT CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTCG	780
25	TTCAATTCTT TATTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTTCCCCAG ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC CTACTAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAATTTA	900
	TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTTATTTTC TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTATAGT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTCTTTA	1080
	TCGTAAAACG TTATTTAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGT TTGTAATCTT	1140
35	TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT ATTTATTTTG TTTTITACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG	1740

55

EP 0 786 519 A2

	TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG	1860
	TCTGAATCGC TGTGAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG	1920
5	TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG	1980
	TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG	2040
10	TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCTGAG TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG	2100
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTGAGAATC TGAGTCGCTA	2160
	TCTGATGTTT CTTCTTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT	2220
15	GTTACATCAA CTTCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT	2280
	TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA	2340
	AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTACCAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT	2400
20	TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA	2460
	TTACTGTCTG ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA	2520
	TCTAATGTCA TGTGTGCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT	2580
25	ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTGAAAAC	2640
	TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAACTGAT ATTTACCATT TTCATCTGTT	2700
	GTCGTACGAT CTAATTCCTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC	2760
30	CCTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT	2820
	AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTACATT TGAATAACTA	2880
35	TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTCAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT	2940
	GTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT	3000
	TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT	3060
40	TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT	3120
	TGATCTGtCA CTtCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTTG GATTAAATTT ATATCCAGTT	3180
	AAATTAGTAA CAAACGTTTG TTTAGTATAT GTATTTTtag GTTGATTTAC ATATGCAGTC	3240
45	ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGtAC TTGAAATAAG CGGTTGTGCT	3300
	TTTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTtCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT	3360
	TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTtAC GTTTCGCAA TGCAACTTGT	3420
50	TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT	3480
	GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTTGGGC ATTATATAAA	3540
55		

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTTGCTTT TAATTTTAAA 3660
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTTGT 3780
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTAAAGTTC TTGGTTTAAAT AGTCGTTGTT 3840
 10 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900
 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTACTAGTTT CTTTAACTGT TGCACATCA 4020
 15 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTGGC TATTGCTTTT TAGTTGACGA 4080
 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140
 TTTAATTCTC CATTCGTATG TTCTGCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200
 20 AATGTTGTCC CTACTAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTTCTTAT CGAAAATTG 4260
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCATTAA 4320
 TAATACTCCT TTAAAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1060 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

35 TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60
 TCTTGATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AACTAATAT 120
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATT TTTACCAAT 180
 CCTTTTGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTGAAGA 420
 50 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480
 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

EP 0 786 519 A2

AAAGTTATTC CGCAATCATA TCGTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTATG ATTGGATCCG 840
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960
 10 TAAcGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCatTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1262 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

ATAATnACTA AATACnAAG TTAACTGTC TTACTAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120
 AGATGATTGT AGTGTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240
 CTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300
 GGTAGGAGCA CTTGTTTAAAC GGAATTCAAC GTATAAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGCgT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGAAA 600
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660
 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720
 45 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGGACGT 840
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

EP 0 786 519 A2

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080
 TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT 1200
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTAATTGGT CCCATTTGCG GTTCnGGTTA 1260
 CA 1262

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1142 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60
 TGTTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTGTGCGCA TGATTTTGT 180
 TTCAATTTGA CTTCCACACA CTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240
 CATCTACCA GTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTGTAC CGCCATATTT 300
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAAACC ATTTCTTGT GTTGGTGTGT 360
 TAAGTCTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA 420
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTGA TTGGTTTATT 480
 35 CTTATTAGAC TGTTGATGAA TTCGATTTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAAGG 540
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT 600
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC 660
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720
 ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780
 45 AAAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840
 TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960
 50 TCCTCTTTT ACATGTTCTA CTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACT CACTTTATTT 1020
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATAACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTATTGCAA 1080

55

TT

1142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1814 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

5	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTTA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
15	TTCAATGCCT CGCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTG	120
	GTAAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTCTTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCA _{symy} CTGATTCAGC ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTC TTCTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAAC CGTTTTACG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACTTCTAA TACATCTTTG	840
	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
40	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTAATTACTT CATTAAACGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAA TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTTCGTTA CTTTAAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTC TGCACATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATT AGCATACCTT GTTTAACATA 1620
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680
 10 AGGATCATTA ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAACATC 1740
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 686 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTAGATT ATTACCCTCC TTTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTTGGTATT TGAAAATGTG CAAAATTTAA 120
 30 TCTTATATGT TTCTTGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTATAAA 300
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360
 ACTTGGAATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAAA ATACGCAAAA 420
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAAA TAATGTTTTT 480
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCTATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACAACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600
 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTTT TAATACCAAC 660
 45 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1300 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTCAAG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480
 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTTAA 600
 AGAAGAGTTC GGTTCAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTCATCTA 660
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTtYCTG AAGAACAAC TGTGATTAT TCTAAAGCCC 780
 ACAATGAACC TTCTTGATG ACAGAATTAC GTAAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAAACTT 840
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCA ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTAAGTGAAGA 1300

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAATATTA GCCAATATCA TTTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACTTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
15	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAATTT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTAA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

EP 0 786 519 A2

	AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC	1860
	AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG	1920
5	CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG	1980
	AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA	2040
	TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA	2100
10	TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG	2160
	GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCCTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT	2220
	TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT	2280
15	GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA	2340
	GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG	2400
	GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACCTTTATT	2460
20	TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC	2520
	GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA	2580
25	GGAGCTATAT ATATCGCAA TTTATTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA	2640
	CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT	2700
	TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtGCACA TATCGACATA	2760
30	CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA	2820
	CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT	2880
	ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA	2940
35	GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA	3000
	ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA	3060
	ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA	3120
40	TCATGCCATT CTGAA	3135

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1209 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:

55

EP 0 786 519 A2

	AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG	120
	TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAGC ATAAAAGTGT	180
5	TAGTGACTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGCGTTACCG TTGCAACACT	240
	AAAATAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG	300
	AATACATTTT AACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG	360
10	AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA	420
	TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC	480
	TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG	540
15	AATTAGCAGC TGAATATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC	600
	CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTAAAGACG	660
20	GTCAACCAGT TGATAAAGTT GTTGGTTTCC AACCAAAAGA AAACCTAGCT GAAGTTTTAG	720
	ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA	780
	GTTTTTGTTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC	840
25	TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG	900
	ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC	960
	ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCACTTTTGT	1020
30	AGCATCATTC ATTTTAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGG GAAGACTATA AGCAACGAAT	1080
	TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA	1140
	TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT	1200
35	TCACGGGTG	1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 2410 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

	AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC	60
50	TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT	120
	AACGTATCAT CACCCGCAGT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTTCT	180

55

EP 0 786 519 A2

	GCATCTTCAA CTTCAAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTLACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT tCTGGCTCTT tATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCTC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCAACTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
15	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AATTCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTGGCC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAAATAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTGT GTGCCATTTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC CATGACAATG TGTAAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCGTTT	1080
	TCTTTTTTcAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTTTgAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTcAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTTGGAAG TGAATGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTCC	1500
	GAAATAATGT TATATTTTTC AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
40	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTGTGTGTGA TGCTTGTAAT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980
55		

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100
 TGCAGTGTC TTTTTTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160
 5 TCTATATTCA TCATAAATT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTATAT TTTTGGTCAT 2220
 ATTACTKTAT ATCTATTACT AATkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280
 TyCTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAATAT TTCATGCAAA TGGGGGACAG 2340
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400
 AATAGCCGAC 2410

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 590 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180
 30 CGAACAGCGG GTTTTAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAAATCTAC CGCATtAaTG 240
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTGTGA CTAAATTATA kACGTAAAGA AAATAATGTT 360
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420
 ATCTCATTTT TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTTC GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 905 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 50 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

EP 0 786 519 A2

TATTCGATTT GAnTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120
 TTTTGCACCA TCAATAAGCG TTTCAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180
 5 TTCAATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTTGT 240
 TATATCATGC ATCACAaACTA AAATCCcTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAAATCGG 300
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACTTTC TAAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAAC 420
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAAGTGT CATAATACGC 480
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCAATTCG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600
 GCGTCGTGCT AAATCATTGG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660
 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTCG CAACAATTGT GTTGATAAG TAACTTCTTG 720
 20 AATGGGACGG ATTAATGTAC GCTTAAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780
 AACTAAACAT GTCAAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840
 25 ATTGTAACCT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900
 CCTTT 905

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1016 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240
 AAGATTTGaT AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300
 ATAAAAAGAC ATATATGTTC TATAAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

55

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCITTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720
 TATTTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGCA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTTAACAAAA 780
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCAATGG TGGTTTATTA ATAACITTTAA 900
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGTAATA TTTTTGGaT TTaCtAATTG GTATGCTtGt 960
 15 LATATTTAWT GCACyTCmAA TTagAtTTTT AcmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TTAAACCTC TCtTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60
 ATTTCAAATG AACAACTACTA TTGCTTGAGA CCATTAAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGcATAAT ATCATTcACA AGTACACCAT 180
 TTTCGGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TTAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240
 TAAATTGTTG AAGACCCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300
 35 CGGCTGGgCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACtTCGTTAC AATCaTCGTG 360
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCCTCGTAAT kGATTAAGTA TATTAT 406

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAAC TT 60
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

EP 0 786 519 A2

	AGGTACAGCG TTAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG	240
	TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AACTGAAGG GCTTTTCATC	300
5	AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT	360
	TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAGC GAAGTCATTT	420
	AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAA TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG	480
10	TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAACC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA	540
	ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA	600
	CTGCACATAG CTTTTAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA	660
15	ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT	720
	AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA	780
	TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT	840
20	GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT	900
	aATTAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc	960
25	GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA	1020
	ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAgAG	1080
	AAGCAGCTGT TCGCagTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT	1140
30	AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AACTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT	1200
	TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGCGA TCGGGAACGG TATATATATT	1260
	AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA	1320
35	TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA	1378

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
40	(A) LENGTH: 4171 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

	TCCCAACCAA TAATCGTGCC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA	60
50	TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG	120
	AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATTCTTC TTACAATTTA CATTTTTTAA	180

55

	TTATATTCTA TTCAATTTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTTAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAAACA AATGGTGATG ACAAATTGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
15	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTCTGA ATTTTAATGT TTTCCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCCAGAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTT CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTCAATCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TTCGCTACGC	1500
	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
40	TTTTTACTTA CATTTTTAGA TTAAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTTGAACCTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATCTTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCGG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTA CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACCT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

EP 0 786 519 A2

	GCTTGaCTCA AAACCTCCAC AGTTGGAAAT CGTTCAACAA AACGATGATA ATAGTCAATA	2100
	ACTGTTTTAA CTGTGTCTG TTGTAACATG ACCTCACTTA ACCAAATATA GTACGGATTG	2160
5	GTCGTTTGTC GCCATGGCAT TTCTCTTTGA TTTTCATCAA ACCAGTGTAT CAAATTTTCT	2220
	TTAAACTAG ACTGCTGATA CATTTATAAA ACCCTTTCCT CACCAAAATT AATTGTCTTT	2280
	ACTCATAATG TTTTATTGT ACATTAAAAT CATGGTTAGT ATGTAAGTTA ATTTAGTTAT	2340
10	TTGCGAAATT GGATTATAAT AGTATATATA ATATTATGAA ATGAGTGAAC TGATATGGAC	2400
	ACTGCAACAC ATATCGCAAT TGGGGTGGGC CTTACAGCAC TTGCAACTCA AGATCCAGCA	2460
	ATGGCTTCTA CGTTTGGTGC AACAGCTACA ACCCTTATCG TTGGTTCATT AATTCCTGAT	2520
15	GGGGATACTG TTCTTAAATT AAAGGACAAT GCAACATATA TTTCGCATCA TAGAGGTATC	2580
	ACGCATTCCA TCCCTTTCAC AATACTATGG CCAATTTTAA TTACATTTT AATATTCACG	2640
	TTCTTTAGTG GAACCAACCC ATTTTCATGTA TGGATGTGGG CTCAGCTCGC AGTATTTTTA	2700
20	CATGTCTTTG TAGATATATT CAATTCTTAT GGTACACAAG CGCTTAGACC TATCACAAC	2760
	AAATGGATTC AATTAAGTGT GATTAACACA TTTGACCCTA TTATTTTCAC AGTTCPTTGT	2820
25	ATTGGTATTG TATTATGGGT TATAGGCTTG CATCCATTG CAGTCTTCTT TCCTATAATC	2880
	GCTTTACTAA TCATTTATTA CATGATTCGT TTTAAAATGA GAGCCGTAAT TAAGCAACAA	2940
	GCTTTAAAAG CAATTCAACA AGAGCATCAC CCTGTAAAG TATTTGTTGC GCCAACAATA	3000
30	AAATTTATGG AATGGCGTGT CGCGATACAA ACTGATGCAC ATGACTATGT TGGAAAAGCA	3060
	TATGGTAGGA ATGTGGTGTT TAGTGATAAA GTGGAACGTC AAACATTATC AACAGACTCC	3120
	ATTTTATGGA AAGTCAAAGG TAATAAAGAT ATACGTACTT TTTTAACTT TTCATCAATC	3180
35	TATCGTTGGC AAACAACAAC GTTAGCAGAT GGTCTACTG AAATTCGTTT GATTGATTG	3240
	CGTTATTTAA AAAATGATCA TTATTCATTT GTGGCAATTG CACATGTAAC AAACGATAAT	3300
	GTCATAGACC ACTCTTATAT TGGCTGGGTA TTTACAGAAG ATAAGTTACA ACGTAACTG	3360
40	TATGCTAAAT AATTTCAAGT TATTATTCAC TAAAGTTAAT CTATAAAAAA TGAACAACCG	3420
	GGCAGAATGA AAATCAAAAC GATTTTACT CTGTCCGTT TTTAATGTA AAACATATGAA	3480
45	TGCTTTTACA AAATCTAAAA TTTATATTGT TGCTAACAAA CTACCTTTAA TGAATCGAAA	3540
	TATCAAAATC AGTATAGGAA AACAATATCT AGATGATATT CTAATTGTTT CTGATTCTCA	3600
	CAGATTAATT TACACAACAG GTCAGCTAAA CATCATGAAG AAGTATCCGC CTCGTCTGTA	3660
50	CTATCATTTG AACATCCTG TTGATTATCa GTTGTGTCA CTTTAGATGT TTTATTaTAA	3720
	ATTGCGTGTG TCGTATACCT TGCTAATACG AAATTTACTG CAGCTATTAA ACATAAGAAT	3780

55

TGTGCTATAC CATTAAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAAT 3900
 ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC 3960
 5 CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAA AGTAACGGAT 4020
 ATTAATCCTA CAAAATAGT TGCCATCACA ATAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT 4080
 TCGAAGTTTA CTGGTTTAAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA 4140
 10 CTTAAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G 4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAAATaG GGGCTTTCAA 60
 25 AATAATCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT 120
 CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA 180
 TACAACCTTAT CCAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG 240
 30 TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC 300
 ACCAGAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC 360
 AAGCAGACGA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT 420
 35 AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC 480
 GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTCAGTG ACAGTAACAA ACGGATAGGG 540
 ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT 600
 40 TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT 660
 AACAAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA 720
 AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA 780
 45 TTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAATTAT 840
 ACAAAGCCT TACAAGATAT ATTCGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA 900
 50 ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA 960
 ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA 1020

EP 0 786 519 A2

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTGTGTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAGAAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAATCAA	1560
	TATAAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTAAGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAATAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCrtACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTTGT TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAATA AAAGTGCAA ATGACAATCT TTCAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAgcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAATAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAA TTAGCAACAG	2820

55

EP 0 786 519 A2

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCGCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTAATTT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACCTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAATTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAACCTCGAA AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTCGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTCAGA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620

55

EP 0 786 519 A2

	GTTGGTGGTC	TAACCTTTAGA	GAAGACCAAA	AGAAGAAAAG	TGATAAATAC	GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC	AGCTCGTAGA	AACAGAGAAA	ATATAAAGAA	ATGGTTTGGA	AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA	AACTAAAAC	GGTGAAGCCT	TTAGTAAAAT	GGGCAGAAAT	GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA	AATGAAAAAA	ATGTGGAGTG	GAATCAAAGG	AATTCCAAGC	AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG	CTCAGCCAAA	AGTTCTGTAG	GATATCACAC	TAAGGCTATA	GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG	GTTTGAAAA	GCTTGGCAAT	CTGTAAATC	GACTACAGGA	AGTATTTACA	5040
	ATCAAATAA	GCAAAAGTAT	TCAGATGCCT	CAGATAAAGC	TTGGGCGCAT	TCAAAATCTA	5100
	TTTGGAGAGG	CACATCAAAA	TGGTTTAGCA	ACGCATATAA	AAGTGCAAAG	GGTTGGCTAA	5160
15	TAGATATGGC	TAATAAATCG	CGCTCGAAAT	GGGATAATAT	TTCTAGTACA	GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC	CGTTTGAAAA	GGAACATCGA	AATGGTTTAG	TAATCATAAC	AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC	TGGGGATATG	TATTCAAGAG	CCCACGATCG	TTTTGATGCA	ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC	TAACGCTAAA	TCAGTATTTA	ATGGTTTTAG	AAAATGGCTA	TCAAAAACAT	5400
	ATGATTGGAT	TAGAGATATT	GGTAAAGACA	TGGGAAGAGC	TGCGGCTGAT	TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA	TAAAGCTATT	GGCGGTTTGA	ATAGCATGAT	TGGCGGTATT	AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT	TACTGATAAA	AATCTCATCA	AGCCAATACC	TACATTGTCT	ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA	GGGTGTAGCT	ACCGATAATT	CAGGAGCATT	AACGCAACCG	ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA	TAGAGGTTCT	GGAAACGCCC	CAGGTGGTGG	AGTTCAAGAA	ATAATTCAAC	5700
	GGGCTGACGG	AACATTCCAT	GCACCCCAAG	GACGAGATGT	GGTTGTTCCA	CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT	AATAAATGCC	AATGACACTC	TGAAGTTACA	GCGGATGGGT	GTTTTGCCAA	5820
35	AATTCCATGG	TGGTACGAAA	AAGAAAAAAT	GGATGGAACA	AGTTACTGAA	AATCTTGGA	5880
	AAAAAGCAGG	GGACTTCGGT	TCTAAAGCTA	AAAACACAGC	TCATAATATC	AAAAAAGGTG	5940
	CAGAAGAAAT	GTTTGAAGCG	GCAGGCGATA	AAATCAAAGA	TGGTGCATCT	TGGTTAGGCG	6000
40	ATAAAATCGG	CGATGTGTGG	GATTATGTAC	AACATCCAGG	GAAACTAGTA	AATAAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT	AAATATTAAT	TTTGGAGGCG	GACTAACGCT	ACAGTAAAAA	TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA	TTGCTCAAAA	AGAAATTAGT	AGACAAAGTA	AAATCGTGGT	TTGAAGATTT	6180
	TGGTGGCGGA	GGCGATGGAA	GCTATCTATT	TGACCATCCA	ATTTGGCAAA	GGTTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT	GGACTTAACT	TTAATGGCGG	TCGTCACTAT	GGTATCGACT	TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG	AACATTTATG	CTGTAAAGG	CGGTATAGCT	GATAAAGTAT	GGAATGATTA	6360
	CGGTGGCGGT	AATCTATATC	AAATTAAGAC	CGGTGCTAAC	GAATGGAAC	GGTATATGCA	6420

55

EP 0 786 519 A2

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
	AGCGTTCTTT AACAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
15	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAACAGG AGATGGTTAT CCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACCTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTTTGGCTA TGATGGTATA	7560
35	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTTCCTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTT ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAAACAG AGTGGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTAAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220
55		

ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA 8340
 GTTTTGTTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA 8400
 5 CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT 8460
 ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA 8520
 GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTAGATGA GTACTTAAGA TATGGATTG 8580
 10 CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA 8640
 TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT 8700
 TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT 8760
 15 TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA 8820
 CTGTCACTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAGTTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG 8880
 20 AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA 8940
 TAAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT 9000
 GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT 9060
 25 ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TGTTTTTGCT AAGTCGGTTC 9120
 AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATaAAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA 9180
 TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC 9240
 30 CTTGTATGTA TGTTGAACT GAAAAATCAA CAGTCTTAA TTTAATTGCT GACAACTCAG 9300
 GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGCAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA 9360
 TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT 9420
 35 TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT 9480
 ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA 9540
 CTGAATTAAA GGTGTGTTAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG 9600
 40 TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCA ACAAGCGCTT AACAGACGAG 9660
 TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA 9720
 45 GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC 9780
 AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGTACTTGA AAACGATAAA C 9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1017 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5 TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTGA TTTAACCATC GGTTCATC CTACGTGCTT 60
 CACTTTCTAT CtATTAATTC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT 120
 GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA 180
 10 TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT 240
 TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA 300
 GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC 360
 15 CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA 420
 AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC 480
 CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTGCATCTT CACTTCTTGC 540
 20 GTATTTTAAAG TTAATCGATT GGGCTCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT 600
 TAAATTGTTG CGTTTAAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC 660
 TTTAAAATAA TAAATATTTT GTTTCATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC 720
 25 TGTCAATTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT 780
 AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAT AACAGCCTAT 840
 30 ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA 900
 AGGCATACCT TCATTAACCT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTG 960
 ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaA TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC 1017

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6806 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45 TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTCA 60
 GACTCACTGA TATTACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAAAATTTT ATATGCTGTG 120
 50 TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA 180
 TATTCCTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT 240

55

EP 0 786 519 A2

	TTAATAACAT TATnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAACTGATCA ATCACCTGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTC AAC GAATCAATAA TTACTTGTA TACATTATCA TCAGCGATTT CAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTTGTT GCTCATTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATT CCTCTTTTTT GTTAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAAT	780
15	AACCTCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTC TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
20	AACCTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
	TATCTTAATT TAATTTTCGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGTCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTTGTTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCCTC TTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
40	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTTCAGT CCTGAATATA GTAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTCGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC TAAAACCAT CCAATGTAAA TGATAGCCAT AATCGGTACA ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC AATACTACGT ACACCACCAA ATATAATAAT AGCTGTTACG ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT GATTACTGGA CTAATATTAT ATTGCGTATT TAACGACTCC GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC TGTGTTAAAT ACAAATGCAA ATGTAATTGT AATTAAAATC GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA TTTTGTATTT AAACCTTTAG TAATATAGTA AGCTGGACCA CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT ATCATGTACT TTATAAACCT GAGCCAAAGT CGCTTCTATA AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT AAATGCAATA ACCCACATCC AAAATACTGC ACCTGGACCG CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC AACACCAGCA ATATTACCAG TACCAACTCT CGAACCAGCA CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA TGGCGAAATA CCCTTCTTAC CATCTTCTAA AGTTTCTGGA CGTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA CATTTCAGGT AACATTCGTA ATTGAACGAA TTTAGAACTA ATCGTAAAGA	2700
	AGAATCCAGC TGTCAATAAT AGACCAATTA AATATTGAGA CCATATTAAA TCGGTACCAA	2760
20	CATGGACAAA TTCTTTAAAC CATCCAGGTA TTAACTATC GAAATCTTTC AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC TCTACATGAA TCATGTACCT TCTATAAAAT TAGACCGAAT TGAACCTTCA	2880
25	GTAATATAG AGATACATCA TCATTTCTTA TACAATACAA GAGATTATA TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT CGCTAATTTA ACGATAAGTA CTTGGTCAGC ATTTAATATA AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA AATTAAACAT TACTGTATTT TATCATTTAA TTTCTGTATT GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT ATACATGTCT ATTACTTCAC CAAAATCATC TGTATCTACA ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA TTGTTTCAGAT TTATGAATAT CATTAAATTA ACCATGTTCT TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA TGTATATTGA CTATGTTTAC CTGTCACTAC ATGTGCAGCT ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT CTTTAATTCT TTTAATAAAG TTATTCCaCG TTGTGCTCTT TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT AAAACTAATA CGTTTAAACG AGCCGCGTTG TGTGGCCATC AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA AACACCTTCT GTCATAACAA CGAAATCTTC AGCTTTAAGA TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC TGCCCTTAAT CCGGTATCTG ATAGTTCAC TGTATTATAC GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT AGTAATGACG GTAATTAATT GATCTTTTTT AAAGCGCATA AACTAATCA	3540
45	AATCATCATT TTCTTTAACT TTAGTAGCAA TTAAAGGTTT ATTAACACGC GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC TGTACTTTTC TTAATCATGC CATTTTGAGT CGCAAAAACA TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA GTCCTTTTCA TTAAAGACAT TAATAACCAC TTCATCTTCT TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA TACATGTTGT CCCAATTCTT TCCAACGAAT ATCTGCTAAT TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG ATAACGACCT TTATTTGTAA ATACTAGTAC GGTATCTTGC GTATTTACTT	3840

55

EP 0 786 519 A2

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTy	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTTCA TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTG AATTTCTTTT TAATTTTCATT CAATTTCTTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CwACGAATCA ATTTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACCTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTTGA TTGATTCACT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
20	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTC AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTTT AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCACTT GGAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTCATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTGCG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTC ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACCTTTC AGCTAGTAAG CTTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
45	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGTAATT CAGAATTATC	5520
50	TAAATACTT TGGTCTCTT GCATACCAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTTCATCTTC	5640

55

EP 0 786 519 A2

AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTT 5760
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820
 5 ACCTTTTTCC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880
 CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATTT TAAAGTCAGT 6000
 10 ACCAACGCCT GCCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTTT TAAAAATATC 6060
 TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA 6120
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180
 15 TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTTAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240
 TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTACGTG CAGCTTCCCT 6300
 TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTTCTTC 6360
 20 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACTTCTAG CTTCAGAAGT 6420
 ACCCAATTTA GATTTCTGTTT GTCCTTCAAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA 6480
 25 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT 6540
 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAACC 6600
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC 6660
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA 6720
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAACCTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT 6780
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1716 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

GGGGCAnAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120
 50 TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACCTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

EP 0 786 519 A2

CCTTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA 360
 TTTTAAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT 420
 5 TGTTTACTCA TTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA 480
 GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTTCTGC ATCGTCTTTC 540
 ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT 600
 10 AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA 660
 ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT 720
 TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT 780
 15 TTGTACTCGT CTA CTACTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTC ATCTGTAAAT 840
 TCTGGGACTT CTTTAAATTT AATTTCGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG 900
 20 GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA 960
 ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTTCT 1020
 AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCtC CGTCAACTGA ACCACTAAAG 1080
 25 TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAAACGAC CATTCAGCT 1140
 AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACTCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT 1200
 TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAAC 1260
 30 GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT 1320
 GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG 1380
 TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC 1440
 35 ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA 1500
 TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT 1560
 TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTCATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTATTTTT 1620
 40 TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT 1680
 TATATATTTG TAAATCAACT TTTTCGTCA AAAC 1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 795 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCG	60
	ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA	120
5	TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTCAACC TTATTCTATC GATCAAATC TATGGGGCAG	180
	AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTTGA	240
	TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AAACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TAACGTTTGA	300
10	TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC	360
	GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT	420
	TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAGC	480
15	GCATAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT	540
	TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTCACCTT TAACTGATAG	600
	CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT	660
20	ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA	720
	ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA	780
25	TATCTATGGT TTACC	795

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30	(A) LENGTH: 887 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

	CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA	60
	GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATG GAAATATTAT	120
40	GCAATCaTTG GTGCaAAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA	180
	GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT	240
	ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA	300
45	CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT	360
	GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTTGTCTGA GCTTGATAAT	420
50	GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT	480
	GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG	540

55

EP 0 786 519 A2

5 GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTTGGATAA 720
 5 TGATGCTACC GAAGTGTACT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1183 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

20 TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TTnAACCGGA TTTCGGATGG ACCTTTTAAA 60
 AChACCAAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTT AACTGAAAAT 180
 AATAAAGTTG ATCATTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTT AAAAGATATT 240
 AAAAATGCAA AAGAtATATC CATTTAGAGT ACWATACTTT CGCTTwAGAT GGTTWAGGTA 300
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360
 ATGATGATGT TGGATCTAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTTAC 600
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTAGAC TGGAAATTCGC 660
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCGGC TAGTGACTGG CATCAAATTG 780
 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840
 45 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATAaATG CCATTAAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAaAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAAATATGG 1080

55

CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2332 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAAG GGAATAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAAGG TAACTCTGAA GAAACRAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG ACACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

EP 0 786 519 A2

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440
GGTGTCCGCA ATCATTTATA TGAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500
5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560
AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620
ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680
10 GGATCACTCT CTTCTCCCw ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740
GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800
TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860
15 AAAAATTAAC CTCTGAAGAG GTTATAGATG rATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920
AACTTGAAAC AGATCCCAAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980
ATAAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040
20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAnAA 2100
TATTAATGAA CTTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160
TCAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACAGC CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220
25 CTTATATCTC AACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280
TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 865 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60
TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120
ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAAC TTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180
45 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240
GATtGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGA ACTTA ATTGCTCAAA AATCTTAATC 300
GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360
50 GATGGAAGTG TAAA ACTGTA CGTGCATCTT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

EP 0 786 519 A2

GAATATATTT TTCGTTGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTTCAG 540
 CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA 600
 5 ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT 660
 CATGATCAGC TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG 720
 CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTGCA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA 780
 10 GTTCCATTG TTCAAATCT CTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTCaATTAC 840
 GGaATGaTTT ACCAATTTGG ACCGG 865

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

15 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1444 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25 TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA 60
 CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT 120
 TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA 180
 30 CGTAACGTTG ATTTCTGCCC ATATCACTCA GTGTAATTCG TTTGTTATAT GGTTCATCAA 240
 GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT 300
 CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAA AACTCATTTC TTATAAATAT 360
 35 TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAAAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAAAC 420
 GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT 480
 TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA 540
 40 CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG 600
 AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA 660
 TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT 720
 45 CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTCTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA 780
 AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAAAAA AAGAAGTTGA 840
 50 AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT 900
 GCAGCAATAT ACATGTTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA 960

55

EP 0 786 519 A2

	TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC	1080
	CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC	1140
5	TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC	1200
	AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG	1260
	TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACTTA ACTTTAAGTT	1320
10	TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG	1380
	CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT	1440
	TGGC	1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

25	GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACCATAC	60
	CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT	120
30	GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT	180
	TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT	240
	GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT	300
35	GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA	360
	GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT	420
	GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA	480
40	CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT	540
	GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA	600
	AATGCTACTG AACTGTAAAT TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG	660
45	TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT	720
	TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGCTTCT CTTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA	780
50	ACCAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT	840
	AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAATGCA AGATGCAATT	900

EP 0 786 519 A2

ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA 1020
 AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC 1080
 5 AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCTTAA AAAATAGAGG TTATGACATT 1140
 GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT 1200
 AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT 1260
 10 CATTATGTCA GCGTTCCTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA 1320
 GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTTG TCTTCTTATG AATTTGAGCC AGATAAAGAA 1380
 TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAATATTA 1440
 15 GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCGA TGAAAAATGC CACTGATAAT 1500
 GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT 1560
 20 ACGCAACAAA TTAAGTAAAT TGTGGTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG 1620
 GAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAACT CAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTCTGA 1680
 TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA 1740
 25 GAAGGTACAA TACAATAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTCGT 1800
 ACAATTGCGA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC 1860
 AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT 1920
 30 GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTC GCCGCGATCC TATCCATCGT 1980
 CAAGCACCAG CATTGATGA ACTTTCAACA GAAGTTCAAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA 2040
 GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC 2100
 35 GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT 2160
 GGTATTTCTG TATTCGCCCG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTTACTTTC 2220
 GAAATGAGTG ACAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG 2280
 40 CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTCATTGA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT 2340
 GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT 2400
 GGTTCAGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA 2460
 45 CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT 2520
 ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA 2580
 50 GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAACGTA AATTAAGTGA AATGGGTATT 2640
 TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGGAACCATC AATTGTAGGT 2700

55

EP 0 786 519 A2

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATATGC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACCTGTA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTCACG ATGGAACCTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTCGCTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTCTATAA GAAAAAGTAT TTCTTTATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTC ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
40	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTAC ATGTTGTATG	4080
	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAATAAAT	4320
	TTTAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

EP 0 786 519 A2

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATTGTGC	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
15	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GGCGTTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GA CTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAnAC	AAGCGTTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAATTC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	AcTCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTTAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AAC TTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTGCA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTGCTGTAT TAGGACCAAA	60
AGGTTTAATG CCAAACCCTA AAAGTGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTCaATA CyTTACAAGA	240
TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA	960
TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
CGGTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTAA GCGTAAAAAA	1140
ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAACGACT TAGTAAAAGC AATTGAAGAA GAATTGGTG	1260
TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GCGGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAATCA AAGTTGTTAA	1380

TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAACTTA AAGAACAATT 1500
 AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA 1560
 5 AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA 1620
 TTTTGATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG 1680
 AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGAATAA TGAGTCA 1717

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 15 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT 60
 TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA 120
 25 TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA 180
 TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA 240
 TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT 300
 30 CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC 360
 AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG 420
 ACAGCTTAAT TAACTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACAaATTA 480
 35 TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT 540
 TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG 600
 AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG 660
 40 GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA 720
 TGAAGAAAGA TTTCAATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC 780
 AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT 840
 CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA 900
 ATGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG 960
 50 CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA 1020
 TGACTTTTAA TTAYtGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG 1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200
 TTGCACCAGA ACATTTCACm CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAnA 1260
 5 ACCCCGnGGT AACCAnGTA 1279

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCTT 240
 25 AAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTA AAATAAATTA tATATTTCATG TTGACAATTT 360
 AAAAATGTGCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420
 30 TCACCTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600
 35 CTGTCACTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGAACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720
 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAG AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTTtTyAGAm 1080
 50 GAYAGCCACA TGATTCTGCT tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTGCTA TCTTAATGGG 1140
 GTTA 1144

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1158 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10 ACAACCAATT TTAATAACA TGGTrrTCAT gCATTtTCAA TATTtTAGATG TCGACCGCAT 60
 AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTtA GCACATACGA ATATTtCTAG 120
 15 AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT 180
 TCATACCACT TTGaACATTC aaCATATTGA AAGTTtTAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC 240
 CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTtTCATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA 300
 20 AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA 360
 AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTtAGTAA TTTCTtTACG TATGCCACC TAAGCGAAtG 420
 CGTACATTGA CGTtAAGAAC AGTtGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC 480
 25 AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATtTATAAT 540
 GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT 600
 ATTTATATAG ATGTATTtCGA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT 660
 30 CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC 720
 GTTGcATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAaA AATCAAGATG TAACCAAAATT AATTATCGGA 780
 CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTtT TTCAATACAC CTtTAATTGA CCATTtAATG 840
 35 TCCTtTGAAc ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTTGAATTG 900
 AAAATGAACA AATCACcCTA TCGTCCTAAa GGCAACGTT TCGCCATAGA TATGTtAAAA 960
 ATGATTtTGA TTCAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTtATCA ACTTGATAAG 1020
 40 CATGAGTCTA GTACGATTAT TtTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATtTT ATTATCCATT 1080
 TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGCTTTTtAg CAGCAATTAt TAACGTATTt GTgTkTAATT 1140
 45 ATkTTTTtAC GGAACCTA 1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2224 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGGAAATAGTT	120
	ATTTTATTTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAAT TTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTTAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTAGCTGA GATTTTGTAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTAAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCATAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACACG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAwGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680
55		

EP 0 786 519 A2

	AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA	1800
	TTTTGTAAAT AAAATAAAAA TTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA	1860
5	GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC	1920
	TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAACG TACATCTCCT	1980
	CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA	2040
10	GCTAAAACTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCTAGCT	2100
	ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGGAAGGTAT CTTAGATGAT	2160
	ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTTTAAGA ACAGTGAAC ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT	2220
15	ATTT	2224

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1690 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

	ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT	60
30	CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTGATTTGT	120
	ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC	180
	TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCAATTAT TTACACCTCG CTGATTAGT	240
35	TTTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA	300
	GCAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA	360
	TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA	420
40	TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAAAATATTA	480
	GGAATAATAA TGTTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT	540
	AACATATTAT TATTCAATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG	600
45	CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAaKCTA AACCAAGACC AGTAAATGG	660
	CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC	720
	AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA	780
50	GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT	840

55

	AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA	960
	AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT	1020
5	TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAAATG AATGCCATAA	1080
	ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT	1140
	GTTCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA	1200
10	TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG	1260
	TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAGATAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCCTTGAGG	1320
	CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATGCTTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG	1380
15	GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAATAAC AAATTGAATG	1440
	ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCAGCCA TCATGACTTA ATAACTTAT	1500
20	AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCATTAATAA	1560
	GATATTTTGA AATTTGCAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT	1620
	AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT	1680
25	AGTAAAAATT	1690

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2112 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

	ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG	60
	TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCAATG GATGGTTATT	120
40	CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG	180
	TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA	240
45	ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT	300
	TGTTCATATT GTGATGAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA	360
	TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT	420
50	TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT	480
	AGTGTACCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAA	540

EP 0 786 519 A2

	TATTATTATG TTCAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAaCT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTGTA CATAGAGCCT TTTTtagTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAaAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TCGTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGsc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCATTGCT TCTGATAAGT TATATGATTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
20	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAGTATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTAAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTAAAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTAAAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
45	GCTGCTTTAG GT	2112

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5	GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCTCATA TAGTGTAGAG	60
	TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC	120
	GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC	180
10	GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTTGAAAAA	240
	AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT	300
	CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTTGAACA GTAAATTTAT	360
15	CGTTAACTGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC	420
	AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT	454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1372 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

30	TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC	60
	TTTTGACTTT TATTTATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT	120
	TTCGGTTTGT TTAATAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTGG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG	180
35	ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTTTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA	240
	TACCCATTCT CTTTGCATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT	300
	TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA	360
40	GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT	420
	TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA	480
	TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA	540
45	TGATAGTGTT TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT	600
	TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA	660
	CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATAIT	720
50	TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTATAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT	780

55

EP 0 786 519 A2

	ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT	900
	AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTCACGA	960
5	CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT	1020
	CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT	1080
	TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA	1140
10	GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAAATCC ATTACGTTCT	1200
	TTACCACTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT	1260
	TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT	1320
15	ACTAnATTTT CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT	1372

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 564 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

	ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTGTGTC GTCTTATATA	60
30	AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTTTCC TATGTCATTT AACTAAACAT	120
	GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTCTTT	180
	TGACTTAGTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG	240
35	CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAACTGTT GCAATTTTGG AGTATTATTT AGTAATTGGT	300
	CGACCTTTTC AACCATTTGA TTGATGTCAC CTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT	360
	CTTGaATCAG TTCTGaTGGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG	420
40	AAAgCGACTC TAAaATTGCT AAGCCAAAAC CTTCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT	480
	CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA	540
	GATATnATGA TAATCTTCTA CAAG	564

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1277 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC	ACGAnAGCCC	CGGAAACTTA	TTGTGTTACA	AGATATATAA	GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA	ACAAAATAAA	TGAAATTAAA	CGTTTTAAAA	ATGAAACAAA	TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA	TGAAACTGTT	TATAGCTTGA	ATAGAAGCAT	TTATTTTTTA	GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT	CAAACATTTA	TGGCAAATGA	ATCAAACATT	GAGCGCAAAT	GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA	GGCCAAACAT	TAGGTCGTTT	ATCATCAGAA	GTAGCATCTA	TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA	GTAACCTTACA	CACCACACGT	TGATACTGGT	GATTATGTAA	TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA	ATCGAATTTA	CTGGTAACAA	AGAAACTGAC	AAAGTTTACT	ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA	GGTGGTATCA	AATCAATCAC	TGCTGGTGAA	TTAAGAAGAA	CTAACCCAGA	480
	ACGTTTAATT	GAAAACCTCA	TTAAAGGTAT	GTTACCAAGC	ACTCGTTTAG	GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA	TTATTTGTAT	ATGGTGGCGC	TGAACATCCA	CACGCTGCAC	AACAACCAGA	600
20	AAACTACGAA	TTACGTGGTT	AATTAGAAGG	AGGAAATGAC	TTTGGCACAA	GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG	CCGTCGTAAA	AACTCwGTAG	CACGTGTACG	TTTaGTACCa	GGTGAAGGTA	720
	ACATCACAGT	TAATAACCGT	GACGTACGCG	AATACTTACC	ATTGGAATCA	TTAATTTTAG	780
25	ACTTAAACCA	ACCATTTGAT	GTAACCTGAAa	CTAAAGGTAA	CTATGATGTT	TTAGTTAACG	840
	TTTCATGGTGG	TGnTTCACCTG	GACAAGCTCA	AGCTATCCGT	CACGGAATCG	CTCGTGCAAT	900
30	ATTAGAAGCA	GATCCTGAAT	ACAGAGGTTT	TTTAAAACGC	GCTGGATTAC	TTACTCGTGA	960
	CCCACGTATG	AAAGAACATA	AAAAACCAGG	TCTTAAAGCA	GCTCGTCGTT	CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT	TAATTGTCGG	ACGATATATA	CAAAACACCT	CGATATTATG	TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGGCGT	TTTTGCGGCG	AATATGGAAT	GTGTAGAATA	TAAATGAATT	TTTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA	GATGAAGAAC	CATGAATGTG	GAGAACAATA	AATAGTTGGA	TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGGA	AGTGGAAGTG	GATTTGGAAT	ACTTTACTCh	AAACGATTAA	AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA	AnAGAAA					1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 673 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

EP 0 786 519 A2

	TTATTGACAT TGT TTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA	120
	TtATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA	180
5	AATCAAACAT TTTTAATATT TGTTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT	240
	GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTA AATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG	300
	ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC	360
10	TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AACTTGGTC CGACTTAAAT	420
	ATGAATGCAA TCTTTCATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA	480
	TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTC AATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT	540
15	GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAACTGTT	600
	aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG kAAACGTCCA AATATATTGn TCTATGCCCC	660
20	GTTTACCACT ATC	673

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1240 base pairs
25	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

30	AAAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA	60
	TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAGATG GATTGTTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA	120
35	CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT	180
	TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTTAA	240
	TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT	300
40	GCTTTTGTAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAATGGTG GTGAAGGCGA	360
	TACAAGGTTA GAAATGTTA AAAAGGGATT AGAACATTTC GGTTTAGAAT ATAAAATAAC	420
	GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC	480
45	GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT	540
	GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTGAG GAGAAaGAAAC ATTGGAACAC	600
	GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA	660
50	GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG	720

55

EP 0 786 519 A2

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAAATCTAC CAAACTAGGT 840
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960
 AATACTGCAG CTAECTATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCmA ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240
 15

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1311 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

25 ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTaa ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60
 ATGATCAAaC AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAACTTC GTAAAAGATG 120
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTTGTAGAT GACGAGGATT 480
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAAG 600
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTAAAG GAATACTTAA 720
 CAAGTAATTC AAACCTTCAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAA 840
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

EP 0 786 519 A2

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAAATCAT 1020
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080
5 GTTGTACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTFTA ATACAAGAAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200
ACAATATGAA GAAAAGTAAA CGATTAGAAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1761 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTGGGC 60
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTCAG TACTATAAAA 120
ATCAAACCAT TTGCCGTAT CTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCATTG GAGAGCGCTT 180
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240
30 TTCACGACTA TGCCTTGGAA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTCGTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAATACGC 480
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTTC CAACATGAAA 660
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTCAACAT 840
TTTCAATTAT TGTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

EP 0 786 519 A2

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50
 55

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGrTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200
 TCACGTTGfG CAATTfGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260
 TTTGATyCAG TTGGTGTTCG AGTAACtTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320
 TGAGTTTGAG CAITTTGTGG TGCTTCAACT TCTGTGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380
 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTGCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560
 TGATCATTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680
 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTG TGTCTCTAAA 1740
 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

25
 30

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 794 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

35
 40
 45
 50
 55

TCATTTATGA AAAATGTGCG AnAGAnCCaA GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60
 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAATAAAAA GATGTGAGTG 120
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240
 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300
 ACAGTGTGA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420
 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTTGGG GTAAATGCAA 480
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540
 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600
 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1161 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTCAGCA GTTATCATTG CTAATGTGCC TTTCTTTTAA 120
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCa 240
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300
 TTTCTCCACC TATTTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAATTCaa 360
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATTa 420
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GATCTTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTnTTTT ATATTAAAAT 540
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATTa 600
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660
 CATGTCGGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720
 CGAATCCATC TTTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTG TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTCAACTG CTTCAATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCT 1140
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1504 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTAAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCTTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACTATT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTCACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTTGGA GTTTTTGCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCTTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTAA AACAGATTTT ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
	AAGGGAATC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
45	ACCAGTGGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGac	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTTCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1623 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGAYTGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAATA	120
aTGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTCTA ATACATTGGC	420
CTTGTGAAGC AGATGGTCTA TTTTGTAGAA CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCAATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCTTGT TTTAATGAAG GGGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTCT TTTAGTAGAA ATTTTGGAAA AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGnTTTTCAA AAnGGnTATT 1620
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 605 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTTAAAAAT 60
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrtTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGA 480
 35 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTG CGTGTTACAT 540
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600
 CATT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1739 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACATAAT ATATATCGTG 120

EP 0 786 519 A2

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAA TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAAGTGTG TTAAGTAAAG GTCTGGAAG AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGTTC ATGAAGAAGA AATTAAAGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
35	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTTAA GATGCGAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CaATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TAAAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1745 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTAAGAAC ACAGACATGA ATTCATCAA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGTAAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCtAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAAaGAAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTCGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCCTG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCCTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCATACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAAATTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCTT ACAACTGGCA ATCATTTCCT AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGCTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGSTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTTCGT GTTTCTCTTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1035 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCCTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120
ATTACGGCAC CAATTAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTCCATA 300
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCCTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540
TGAATATTTT TGTCTTTAAG TCTTTGTGCG ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660
ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGACTA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1284 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5 AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACaNa 60
 CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG 120
 TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT 180
 10 CAAGATTAGC AATCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA 240
 CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCA GTTAATCTAC 300
 TTACTGGACG TTAAATTGTA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT 360
 15 ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTATG ATTTTATTTT 420
 AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTCAC TTAAAACTTC AGGTCCTAAA 480
 20 TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAACG ATGGTCGTCT 540
 TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT 600
 TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAATT ATATGCACCC 660
 25 TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAATT CGATCCTTCT 720
 TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCCT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC 780
 CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTC ATCACCTACG 840
 30 ACACCTCTTA CTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC 900
 GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA 960
 GCACCGTCAA CTAGTAAAT TTGGTTTTTA AATTTAGGAT TATACAATGA CTTCCAATA 1020
 35 TCAAATGATT CATTTGGATA CTTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA 1080
 TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA 1140
 40 TTTTTAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT 1200
 TTTTGAACTG nATATTCAC AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT 1260
 TTGgnGTCCA nCGCTTCATT TGAA 1284

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5763 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAATATCG CAGCAATAAT	60
	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
5	CATTAATAAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTAAAC CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCCTT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAAAGTGT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AAATATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
	AACACAGAGA ATTTGAAAAA GAAATCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
30	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACCTCA GTATCCTGAA TTTAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATGTA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTTCATCACTA ACATTCACCT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACCTAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTTCATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAACG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

55

EP 0 786 519 A2

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
	ATATGCTTAC TCATTTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC	1920
5	CTGTCATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCCG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTG CTATGGAAAA TGGTTTGCA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTAAATATT AGATATTACT GTTAATTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAATTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAACTGTAT	2520
	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGGCT TTGAAAGTGA TATTACATTT AACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
30	TGGTTGTAGG TGCAGGTTAT GTTTCATTAG AAGTTCTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
	TACACCTTAC TTAAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAAT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAAATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCCTTTA CACTTAAGAG	3360
	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAGTAGGA AAAGAAGTG	3420
50	CAGATAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAAGTGAAGT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCTTAAAGAT TTAATCAATA	3540
55		

EP 0 786 519 A2

	GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTTTTA	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGsCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTCATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCCATCAA TCCAACACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGA AAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTTAC TTTTCTCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAAGT AACCAATCTA TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
30	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTTAC CATCTTGTCT AATTTTCATTG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCGATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTTGTAAA TACATATAAT TTTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTCCGA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
	ACAACGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTG TAAACCAGCT	5220
50	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTAAATCC	5280
	CATACAGCAT CTTGCGGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTGATT ATACTTGAAT	5340

55

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTTCATTC 5460
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTTAATTGT 5640
 10 GTACCAATTT CTTCATCTGT CATCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 422 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGTATTC 120
 TAGTTGTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTAAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300
 CGTTTAACAA TATAAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360
 35 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GtKtATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1188 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACGCGTAT 120

EP 0 786 519 A2

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240
 TTTACTAACA CCATTATTTT CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300
 5 AAATATTTGG TTAATATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420
 GCATCAATAT AACAATTCCA TTTTITACTA TTACATGGTA GATAAACAAAT CTCGCATGAT 480
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTTTAAA ATATGCGGAA 600
 15 TGTTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTGTGCT TGATATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTC GAGTCCTACC 780
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCCTGCT AAGGTGTAGG 840
 TCGCGAAAGG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900
 CCATTTTATC TTTTITGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTTTATAC 1020
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGAT CTCTTAACCT CTCTGCAATT AATGtACTCA 1140
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 840 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTCG AGGTGGAAGC 60
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120
 TTGCGAACAA AatCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

55

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGgA GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480
 TGTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGGACT CAATCCCTTG 660
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGcCACAA 780
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1373 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 20 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

25 TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTC CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240
 GATTAAGTAA CGTTCCTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTTCG AAATACTTCG 300
 TACATCATTa AACTTGCTGC AACCgaAGCA TTCAAACTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540
 TTTGTCACTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600
 TGCgTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTCTGT TTTAAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTcATTA 900
 ATTTGTGCT TTTTAATACC TTCTTGAATC AATATCTTAT TTaYCGGATG CCCAGTAATA 960

TCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTTAA TAATGCCTCT AATCGTTCCT CTCTTTTTTC 1080
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CKCTGAACCT TTACGATATG TTTGAACATC 1140
 5 AGTGTTTTGA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200
 TFCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260
 10 AGATACATAT TTTTLAGACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTTCTTTTAA GCTTTAAAAC 1320
 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TCGCTCnCCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAaACAAT CGACGAAGTT 180
 AACACAAAAG CATTGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300
 CTTGCTTG TG CAATGAGTGG ATACCAATTA GCGGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360
 35 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420
 AAAGrATTAG rAGAACGTTT ATAAaATACA TTACTTCAA GATTAGTGAA GTTTGAAaAG 480
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600
 AGATGTTAAG AGAAAATTA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

	AATCTAATTT TTCCTCCTAA TCTCGGATTG GATAGTGGTC AATTTTTCTG GCCCGCCATT	60
	TTAGCGTTTG TTCTAACTGG GATTGGTTTA CCATTATTAG GTGTGATTGT AGGTGCACTT	120
5	GATAAGAAG GATATATTGG CGCATTAAAT AAAATTTTAC CTAAATTTTC AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA TTTATTTGAC TATAGGACCA CTTTTTGCAA TACCTAGAAC TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA TGACAATTAC ACCAATTATA CATAGCAATA GTAGTATCGC TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA TCTACTTCAT AGTCGTTTTG TATATTTGTT TAAATCCATC TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG GTTCATTATT AACACCATTA TTATTGATTA CTATTTTAGC GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT TAGACTTTAG CGGTAATAGT GCTGGAAAGG GCAATGAAGC ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT CAAGTTTTGC TGAAGGCTTT ACACAAGGCT ATTTAACAAT GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG CTTTTTCAAT GATTGTTGTT AATGCAGTAA AACTAACAGG CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA TATTCAAACA AACTTTGACT GCTGGTTTAA TTGCAGCCGT AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA TTTCAATTAGG TTATATTGGT AATCATATGC CAGTAAGTGA CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA AATCCAAAGA TCGAAACATT GGGACATATT TATTAACGAC AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG GTTCATTCGG AAAATATTTA TTGGGCATCA TTGTGGCGCT GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT GCGGGCTTAT TGTTCAGTT TCTGAATATT TCCATAGAAT CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA AAGCATTGTG ATTAGTTTTT ATTTTAATGA GTTTTATTAT TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG CTGTTATCTC AATGTCAATT CCGGTATTAA GCATTGTATA CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG TATTATTAAT TTTAATTGCC AAATTCATAC CGACAAAACG CATTTCACAA	1080
35	CAAATTCAG TTATTATCGT ATTTATATTG TCGATTTTCA GTGTTATTAG TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA TTAACTTTAT AGAATCATTG CCTCTAAGAG CGTATTCTTT AGAGTGgkTC	1200
	CCAGTAGCAA TTATTGCAAC GATATTAGGC TATCTAGTCG GCATATTTGT AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT ATCAACAGGA ATAACGAATA ATATAAAGA GGTGggGACA TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC AGTAAGATAA TTTTCAATTA GAAAATATCT TACTGCTGTT CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC GTATTGAATG GCTTCGCTTT CCTAGGGTGC CGTCTCAGCC TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG CTCCCTCAGG AGTCTCGCCA TTAATACTAC GTATTAACGT GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC TTTAAAAAA TAAGACACTT TGCCCAACTT GCACATAAAT GTAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA TTTTCTGTGT TGGATCCCTT CGTATAATTT AATAAATACT ACTAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG TGCCTTATGT ATAAAAATTA TAACATGACC CAACTTACAC TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT AGAATTCCTC AAAATGATAA TACGCGATAT GTTAATGAAA TTGTTGAAAC	1740

55

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860
 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920
 5 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT 1980
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040
 10 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100
 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160
 AGCTGTACAT TATAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTT TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280
 TTGTAAACCT TGTCTTTCTT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTAACT TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400
 20 AATATATTTA ACTTGTTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460
 TTCACCATAT TCTAAGATT CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTTCA CAACTTCAAC 2520
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTAAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640
 AACAACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnT TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TtnGTTcnTG 2700

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1135 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaa ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60
 GCCTAAGCGA yCACcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120
 GCCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCACG 180
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTCA AGCATTTTTTA 360
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTACCGCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATaSc AAGAATAATG TTACTCCAGG AACC GCAGTT 480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600
 GATTCAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAA ACATGCAATC 660
 5 AGT_rCKTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720
 AT_mCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780
 10 CATTTTCTC CTAAATTGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840
 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020
 TTCGATATCT TTTCGTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAG_tCTT 1080
 TTAAATTGAT kGacATAatC TCCTATTCCT TTTTATAGTT T_{Tn}GATGGAA ATCAC 1135

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 918 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTTATGT GGCAAAAACG 60
 TTGAATTTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120
 35 CACATTTTAT TCAGATTTT TATCGCGCTC CATTAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CATTTTTTTC 240
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTC 300
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATCCG 360
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTCACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGACAC 600
 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660
 50 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAATTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780

55

CAGCTTATCA TTAATTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 587 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTGTGTATC ATTACATTAA 60
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120
TCCATCCTTT AACAATTATC GTTGTATTTT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAC GGTGTGTAGT AATATTTTCA 240
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300
GTCTTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCMAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 812 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTGA TAGTTTTTTA TTTTAACTTA AATAGAAAGC 240
TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCA 300

TTTCATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATTT ATTTATTGGA 420
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTAA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540
 CTTTAAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600
 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660
 10 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720
 GGTTAGCACT CTTTTCCCA ATGATTAATT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAATCA 780
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAACT TTAACATTG TG 812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 526 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120
 30 CACTTTGTAA TAACTTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATT AATTACCAA 180
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420
 40 TTAGATktAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4544 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

EP 0 786 519 A2

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGACTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAACTA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTaGAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCACACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwLAtCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
50	GCAAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
55	TTTGTTATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

EP 0 786 519 A2

AGATAGCATT AGATAGGGAT AATCATCTTT GTCAAATGTG TTTACGTGAA GACATAGTAA 1920
 CAGATGCAAA CATAGTGCAT CATATTATTT ATGTTGATGA AGATTTTAAT AAAGCTTTAG 1980
 5 ACTTAGATAA TTTGATGTCA GTTTGTTATA GCTGTCATAA CAAAATTCAT GCAAATGATA 2040
 ATGACAAAAG TAATCTTAAG AAAATTAGAG TATTA AAAAT TTAAATAAAA AAATAATTTA 2100
 TTTTATAGC CCCCTACCCA TCGGCTTAAAT ATGTTTTTTC GACGGGTACC GGCGGGGGCC 2160
 10 CTTGCTTGC AACGCGGATA AACTTTTATG AAAGGGGGTC TTTATATGAA ATTAACAAAA 2220
 AAACAGCTGA AAGAATATAT AGAGGATTAT AAAAAATCTG ATGACATATT AATTAATTTG 2280
 TATATAGAAA CGTATGAATT TTATTGTCGG TTAAGAGATG AACTTAAAAA TAGTGATTTG 2340
 15 ATGATAGAGC ATACAAACAA GGCTGGTGCG AGCAATATTG TTAAGAATCC ATTAAGCATA 2400
 GAACTGACAA AAACAGTTCA AACACTAAAT AACTTACTCA AGTCTATGGG TTTAACTGCA 2460
 20 GCACAAAGAA AAAGATAGT TCAAGAAGAA GGTGGATTCTG GTGACTATTA AAGTTTTAAA 2520
 TGAACCTTCA CCAAACTAT TAACAACATG GTATGCAGAG CAAGTCACTC AAGGGAAAAT 2580
 AAAAAAAGC AAATATGTGA AAAAGAATG TGAGAGACAC CTTAGATATC TAGAAAATGG 2640
 25 AGGTAAATGG GTATTTGATG AAGAATTAGC GCACCGTCCT ATTCGATTCA TAGAAAAGTT 2700
 TTGTAAACCT TCCAAAGGAT CTAAACGTCA ACTTGATTA CAACCATGGC AACATTTTAT 2760
 TATTGCGAGT TTGTTTGGTT GGGTTCATAA AGAAACAAAA CTGCGCAGGT TTAmAGAAGC 2820
 30 TTTGATATTT ATGGGGCGAA AAAATGGTAA AACAACTACT ATATCTGGTG TTGCTAACTA 2880
 TGCTGTTTCT CAAGATGGAG AAAACGGCGC TGAAATCCAT CTTTATAGCA ACGTAATGAA 2940
 ACAAGCTAGG ATTCTATTTG ATGAATCTAA GGCGATGATT AAAGCTAGCC CAAAGCTTAG 3000
 35 AGAAAATTTT AGACCTTTGA GAGATGAAAT TCATTACGAT GCAACTATAT CTAAAATTAT 3060
 GCCACAGGCT TCAGACAGTG ATAAGTTGGA TGGTTTAAAT ACACATATGG GCATTTTGA 3120
 TGAAATTCAT GAATTTAAAG ATTATAAATT GATTTCAATT ATAAAAACT CAAGAGCGGC 3180
 40 AAGGTACAA CCCCTTCTTA TCTACATTAC GACAGCAGGG TACCAACTAG ATGGACCACT 3240
 TGTTAATATG GTAGAAGCGG GAAGAGACAC CTTAGATCGA ATCATCGAAG ATGAAAGAAC 3300
 45 TTTTACTAT TTAGCTTCTC TCGATGATGA CGATGATATA AATGATTCGT CGAATTGGAT 3360
 TAAAGCAAAT CCTAACCTAG GTGTTTCTAT CGATTTAGCT GAAATGAAAG AAGAGTGGGA 3420
 AAAGGCTAAG AGAACACCAG ATGAACGTGG AGATTTTATA ACCAAAAGGT TTAACATCTT 3480
 50 TGCTAATAAT GATGAGATGA GTTTTATTGA TTATCCAACA CTTCAAAAAA ATAATGACAT 3540
 TATTCCTTA GATGAGTTGG AAGGTAGACC ATGTACTATA GGTTATGATT TATCAGAAAC 3600

55

	AACACATTCT TGGATTCCTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT	3720
	AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA	3780
5	TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAA TCACTTATGA	3840
	TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA	3900
	AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT	3960
10	AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA	4020
	GCTGAACTA GACAGAAATG GGAAGTGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAT	4080
	AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA	4140
15	CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTATTAG TATTArAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA	4200
	ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCACAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA	4260
20	TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG	4320
	GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT ACnAAGTTAT	4380
	CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG	4440
25	AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTCAACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA	4500
	ATCAAATTGA AACAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG	4544

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 881 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40	CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT	60
	ATTGGTTTAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT	120
	TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT	180
45	TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCTG AATCAATGTT AATTCCTTTG	240
	ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA	300
	AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA	360
50	ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT	420
	AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT	480

EP 0 786 519 A2

ACATTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600
TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660
5 ATTGAAGGTG TATTGaTGTA TTTTGATGAG AGTGTAAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720
ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAACAATT 780
10 GCGAATAATA CmAAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTAA 840
TATGGGTACC ATGATTTAnA AAAATTGGAT GAnATTACC C 881

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAACACA AATGTGTCCA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60
25 AChAGTTCCA TCCAAGTGT TAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120
AACAATACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AACTAGCCA 180
AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240
30 GTTCCTACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300
ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360
AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420
35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480
ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540
40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600
AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAATGGAA 660
TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720
45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780
CAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840
ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTA AAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900
50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAATGAAT ATGTTTGGTT 960
TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTGATTCA TTACCAACAC 1020

EP 0 786 519 A2

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCTGTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGA CT TATTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTAaTAGA AAAATCTGTT CaaATAAAgG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTAAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACTTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAATCA TTAAAATAAT TTAAGGATGT GGAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
50	GAAAAATCA AAACTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTTACT	2700
	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
55	ATATGGAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC	2820

EP 0 786 519 A2

	TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG	2940
	GTAAAAATGG TGTTCGTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAACCAAA	3000
5	TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG	3060
	GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC	3120
10	GT	3122

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

	ATAnAGATAT AnATnAATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT	60
	ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT	120
25	AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTTAC TGGCAATATC	180
	TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT	240
	AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT	300
30	TTTTAGAAAA AAGAATGTCG ATTTGACAGA GGTGTGCGTT TTAsAsCATT TAATTCATG	360
	GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT	420
35	TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCTTTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT	480
	ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA	540
	AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG	600
40	GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC	660
	TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT	720
	TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT	780
45	AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC	840
	GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG	900
	TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC	960
50	TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA	1020
	TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT	1080

EP 0 786 519 A2

	TCAAAATCTT GTGAGAGAAT TTGAAAAAAC ACATACTGTC AGTGACACACA GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC AACTTAGTTT CGTTTGAATA CAAAGTGAAG AAAATGGTCT TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT GTATTAAAAC AAGGATTAGT TAAATAAAAC TTCAATCGTT GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT AATTAAATGT TATGTTAATT TTTGTTAATG AAAAAAGTAA TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTAA TGTAATTGTC CTGAAATGA CTATATACTC AGTAAGTATC AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA ATGAAATTTA AAAAATATAT ATTAACAGGa ACATTAGCAT TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG ATAGCAACTA TAGAAGGGAA TAAAGCAGAT GCAAGTAGTC TGGACAAATA	1560
	TTTAACTGAa aGTCAGTTTC ATGATAAACG CATAGCAGAA GAATTAAGAA CTTTACTTAA	1620
15	CAATCGAAT GTATATGCAT TAGCTGCAGG AAGCTTAAAT CCATATTATA AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT GAATATAGAG CTAAAGCGGC ACTTAAGAAA AATGATTTTCG TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA GTTGCAATTAG AAAAAATATA CAAAGAAATT GATGAAATTA TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA CAGGTTGAGA CAAAAATGG TCTTAACCTG TTTTCAATTT GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT ATCAAAATGC TTATGTATAA TGAATGACAT TTAAGTAG GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA ATAGTTCCTA GGATTACTCT CAAATAACT ATATCAATTA TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT TTTAAATAT GTACATGTTT AAACAATCAA AAGTGACAA TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG TTCTAGTGCT ATATTGGTAG TAGTTGACTA AATGAAAATA AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC AATACTCGTG GGGCCACAAC AGAGAGAAAT AGGATCACCA ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG TTGGCGGGGC CCCAACATAG AGAAATTGGA TCACCAATTT CAACAGACAA	2220
	TGCAAGTTGG GGTGGGGCCC AACACAGAAG CTGGCGAAAA GTCAGCATAC AAAAATGTGC	2280
35	AAGTTGGCGG GGCCACAACA GAGAGAAATA GGATCACCA TTCCAACAAA CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC CCCAACATAG AAGCTGGCGA AAAGTCAGCT TACAAAAATG TGCAAGTTGG	2400
40	CGGGGCCCCA ACATAGAGAA ATTGGAACCC CAATTTCTAC AGACAATGCA AGTTGGGGTA	2460
	GGACATCGAT AAAGAAATAC TTTTCTTTA GCAATTAGTA TTTCTTATGC ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT CATTTTTTAA GTACaCATT GCTACAGCTA ATGATAAAGA ACCACTACAT	2580
45	AATAATCAT TAGTGGTTCT TTATCATTTT TATCTCACTC TTTTACTGGA AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA GAACATGCCA CAATACCAAA AATAATTAAG AAAAAATAAGA CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT TTCAACAAC CTCTATCAGT TTCTTTCGAT TTTCTTTGTT GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA AGTAGTTTTC CGGCTTTTTT ATTTATATGT TTATTCATGA TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA TGTTTAATTC ATTAAATAG TTGAAACAT GACTTGAAAT AAAGATATAA	2880

55

EP 0 786 519 A2

AATTTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTGT TTCACCACCT TATACTTCTA 3300
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360
 TTTCAITTCG TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTTGG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACITTTATT 3480
 AGCTACGTCA ATTGTAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720
 25 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780
 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTCTTATTT CAGTATAGTT TTAACGAT TTTAAAATAA 3840
 TTCTGCAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACITTT 3900
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960
 GTCATGTTAG CCAATTTTTA AG 3982

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1353 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGGaTG ATTTAATaTG GtCctTTCCC AaCctTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATca ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

55

5 GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480
 10 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600
 TCATAAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660
 15 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720
 AGTTTCTGAA CAACAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780
 TTTGGATAAT CAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840
 20 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960
 GCGTCAAAC T CAGCAACAAA TTATTTATAA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020
 TGAAAGTCAT GATTTACAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1987 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTnAAATACT TTACTTTCTT 120
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACCGC ATTTACGTGA 180
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

55

EP 0 786 519 A2

	TGTTAAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT	480
	AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA	540
5	CTTCATGGTT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT	600
	ATTCATTCTT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC	660
	TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG	720
10	GTTGTTCTTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA	780
	CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA	840
	CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA	900
15	TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC	960
	GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTAA TTAAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA	1020
20	TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATTG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA	1080
	ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC	1140
	CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA	1200
25	GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG	1260
	AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA	1320
	ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAAA TTGAATCGCT TTAATACCTT	1380
30	TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTCG	1440
	CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGA CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT	1500
	GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA	1560
35	CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTGTC CYTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT	1620
	TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG	1680
	TACCGAATTT CTtGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA	1740
40	CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA	1800
	GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGtTTAAAC CATGGAAATT	1860
45	TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTTGGCTAT GGTtTGTGT AGAATGATCT GTATGATTAA	1920
	AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTAATTAT GTCTTTtTT	1980
	TATAATT	1987

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1351 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTANT GCGCTCTAT CGAGTATACT ATTAACCTCA ACTATTTTAG	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAAAG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCACTTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AACTGATTCA AAACCTAGCC CATGATTTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTTCATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATTTGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA TTAGTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATT	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTGAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
35	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAACGCG CAACAAAATA	960
	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACTTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 433 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240
 CTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAA AGGTTTATAA 300
 ATTTTAATAC CAAAACCTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420
 TTTTGACCCC nAT 433

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1845 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTCCG CAATAGAGAT 60
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240
 TGCTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300
 TCAATATTTT CAAGTTTTCC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360
 40 GAACCTGATG CAAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCAACAAT TCAATTGCAG 420
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600
 TTTTGGTGT TGGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAAACTT 720
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

55

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960
 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020
 TAAGTGCACT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTAAACAATT TGTTCATAA 1080
 10 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140
 TCGTTAAAAT ATCATTAAACA CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTTGCTAC CTACTCCGTC TGTTCAGAA ACTAAAACTG 1260
 15 GCGCTGTCAT ATTAAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320
 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGTTTAACaw GaCtAGaCaT TctTTCTACA GCTTCATAAC 1380
 CAGCATGAAT ATTACACCA GATTGTTTCA ATGCTTTAGA CATTTAAATT TCCCTCGCTA 1440
 20 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAA CATAAATTCC 1740
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTKATTT GCACCAGAAT CKTTTAACAT TTTCACAATG 1800
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1141 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAATTT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60
 45 TGAAGCTTGT GCGCGTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120
 AGTTTGTGTG TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180
 CTIATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTT TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTGA TCTAAGAAAT CATTTTATC 300
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTTT GAATGCTTTC 360

55

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCATT TACGTTGTCC 600
 ACGTTTAAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660
 10 TAATTTTGG TACCCTTTTT TAATTTTAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTATT 720
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780
 TTTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCTTTT 1020
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTCTTTC 1080
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140
 A 1141

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1565 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGCnC ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATamCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAAGTAAA 300
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360
 GGTAAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600

55

5 GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780
 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAA TTTTCAAGAT ATGCATTTC AAGTATGGCA 960
 10 GCATTAACCT TGTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080
 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTTACTGAT 1140
 15 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGTT 1200
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320
 GACGCAGCCG ACAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTTTAC ATTGGAAAGT TAAAATTGAT 1500
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2870 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

40 GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTAAATATAG 60
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTGCGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360
 TTGATTAGTG CAGGTATATc TGGrATTcYa GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTTA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
10	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTC TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCTTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACITCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
30	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAC GCGGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTTAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCG AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAACGACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
50	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

EP 0 786 519 A2

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTAAAGACC 2340
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATTC 2520
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700
 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTGAT CTTGCGTCT 2760
 15 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820
 CGAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3105 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTGG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTCA 300
 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTGTAATT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTGTG TGTGGCATT AATTTTCA 480
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAaTGCTT AAGAAATTTT 540
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAATGA 720
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

55

EP 0 786 519 A2

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGTATTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTCGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGCGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACCAGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
15	CCTTTATCGT ATTGTTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTGG TGCACCTTCT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCAGGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTC TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTTTA	1980
35	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAACTTGG AAAAAGTTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTTGGCA TGGTTATTGG AAAC TTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCAC TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTACGGGT GGCCTTGGTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTCGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAATATT GGTGTGGCTG	2580

55

EP 0 786 519 A2

	ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA	2700
	ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT	2760
5	TTATTTTCATT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT	2820
	GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG	2880
	TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTG	2940
10	TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT	3000
	TGTCGTTCTT TGTACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA	3060
15	TTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT	3105

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5532 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

	TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG	60
	AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG	120
30	AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA	180
	CATCAGCACC AGTGTTTCGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC	240
35	ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG	300
	GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTC ATTAGAGTCT GCTGAACGTG	360
	AAATTAATCT ATGGTTTAAAT GAAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT	420
40	GGTTATATGA ATAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG	480
	GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA	540
	GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT KGGTAACACG TAtTaAAAAg AGAGGAATAT	600
45	TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGAA TATTATTTTCG	660
	ATTATTTkGG GGATTTTAAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT	720
	TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT	780
50	TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTtGaAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT	840
	TAACATATGT ATATTTTAAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAAC TTTATTAATA	900

EP 0 786 519 A2

	GATACGATTA TATTAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTC A TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAATGAG ATGTCATCCA TTTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200
	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260
10	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGGACGTC GTATGCAAAT	1380
	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTTATACAT TAGGTAGTCC	1440
15	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTA CT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560
	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620
20	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGT	1680
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTTGTT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT TATGATTCAG AACATTTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTTCGTGT	1800
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG	1860
	AGATTCAATT GGCGGTGTCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920
30	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040
	GATTCAAGAT GAAATTCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100
35	AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220
	TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTTCT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280
40	ACATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTTAACAACA	2400
45	AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520
	GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580
50	TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640
	AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA	2700

55

EP 0 786 519 A2

	ACGAGGCGTG CACTTTATAC AAGTGCCAAC GACTATACTA GCGCATGATT CTAGTGTGG	2820
	CGGTAAAGTG GGTATTAACT CAAAGCAAGG TAAAAACCTT ATCGGTGCAT TTTATCGTCC	2880
5	AACTGCTGTG ATTTATGATT TAGTCTTTT AAAGACGTTA CCATTTGAGC AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA GAAGTTTATA AGCATGCGTT ATTGAATGGT GAATCAGCGA CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC TTAAAGATA GAGAGATATT ACAGTCATTA AATGGTATGG ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT ATTGAAACGA AGCTGGATAT TGTATTGCA GATGAAAAAG AACAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT TTAAATTTAG GTCATACATT TGGTCATGCT GTTGAATACT ATCATAAAT	3180
	ACCTCATGGT CATGCAGTGA TGGTTGGCAT TATCTATCAA TTTATAGTTG CGAATGCTTT	3240
15	GTTTGATTCT AAGCATGATA TTAATCATT TATTCAATAT TTAATACAAC TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG ATAACGACT TGGATTTGA AACGTTATAC CAATATATGC TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT AAGCAAGGTG TACAAATGGT CTTGATTAGA CAATTGGAG ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT GATCAACTAA CATTACAACA TGCATGTGAA CAATTAAAAA CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT GAAATGGTAA ATGAACAAAT CATTGATATT TCAGGTCCGT TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG CCGGGCGATA AGTCAATGAC ACACCGTGCA ATCATGTTGG CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA TCTACTATAT ATAAGCCACT ACTTGGCGAA GATTGTCGTC GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA CTGTTAGGTG TAGAAATCAA AGAAGATGAT GAAAAATTAG TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT CAATCTTTTA ACACGCCACA TCAAGTATTG TATACAGGTA ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA TTATTGGCAG GTTTGTTAAG TGGTTTAGGT ATTGAAAGTG TTTTGTCTGG	3840
35	CGATGTTTCA ATTGGTAAAA GGCCAATGGA TCGTGTCTTG AGACCATTGA AACTTATGGA	3900
	TGCGAATATT GAAGGTATTG AAGATAATTA TACACCATTA ATTATTAAGC CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA AATTATCAAA TGGAAGTTGC AAGTGCACAA GTAAAAAGTG CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG TTTTCTAAGG AACCGACCAT CATTAAAGAA TTAGATGTAA GTCGAAATCA	4080
	TACTGAGACG ATGTTCAAAC ATTTTAATAT TCCAATTGAA GCAGAAGGGT TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT GAAGCAATTC GATACATTAA ACCTGCAGAT TTTCATGTTT CTGGCGATAT	4200
45	TTTCATCTGCA GCGTTCTTTA TTGTTGCAGC ACTTATCACA CCAGGAAGTG ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT GGAATCAATC CAACACGTTT AGGTATTATT GATATTGTTG AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC CAACTTTTCA ATCAAACAAC TGGTGCTGAA CCTACTGCTT CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA CCAATGCTTC AACCAATAAC AATCGAAGGA GAATTAGTTC CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAACTG CCTGTAATAG CATTACTTTG TACACAAGCA GTTGGCACGA GTACAATTAA	4500

55

EP 0 786 519 A2

AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA 4620
 ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC 4680
 5 AGTTGCTTCT CTA CTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT 4740
 ATCATTCCA GGATTTTAC CAAAACATAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT 4800
 GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC 4860
 10 TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTA CTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC 4920
 ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACA 4980
 ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA 5040
 15 AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTGGAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT 5100
 AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA 5160
 20 AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA 5220
 TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA 5280
 ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG 5340
 25 KAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG 5400
 AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA 5460
 AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAAgGCTAC TTGTATTAC 5520
 30 aATCaTTATA TG 5532

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC 60
 45 GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa 120
 ACTTGAGAGAA AACTCmAcA CTAAAAArGC TACTATTTCA AATTATGAGA CAGGGTACAG 180
 AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA 240
 50 TTTGTTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC 300
 ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA 360

AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480
 TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540
 5 GGAACCTATG TTAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600
 TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660
 CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720
 10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780
 CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTACAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840
 TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900
 15 ATTCACCTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 417 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGnAAATGC AAACCAAAT ATGATCCTCG TGcAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60
 30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120
 TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180
 35 TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240
 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300
 GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360
 40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

55

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTTTGAAA GCGCAATCAA 180
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAAATATA 240
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTTGGyTC 540
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAGg ATTTATTGTT GGTTCTGTAT CAGAATCTAT 660
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTTAGT TGTTCGTACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720
 20 CCAACCACAA GTT 733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 6060 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60
 35 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120
 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTAAAAA GCGGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATAA TCTAAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420
 45 TAGCCctAtT GATTAAGTAC CACGGtCAAt ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACTT 540
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600
 50 CTGATTTAAA CGATTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

55

EP 0 786 519 A2

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTTTAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATTT	TGTCTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAACT	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTCa	CGTATAAAAA	ATGGAGAGtA	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATTc	TGTACAAAAC	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTCATT	ACTATCCATT	1260
15	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGTT	AACAAAGTAG	AAATGATTTc	CGGTATGACA	TTTCAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTTAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGTA	TGGGAACTAG	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATTa	TTTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA	GTCTACGTTC	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AACTTCAGTT	TTCGAAAAAC	ATTTAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCAGT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAACTA	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTc	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCCGA	ATTTTTTAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520
55							

EP 0 786 519 A2

	TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT	2640
	AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTTATGGG	2700
5	AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG	2760
	TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGCGT GCGGAAGTAG TTAAAGTTGT	2820
10	CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC	2880
	ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA	2940
	ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGTAACATA	3000
15	GGTCGTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG	3060
	TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG	3120
	ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAAtA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT	3180
20	CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA	3240
	ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG	3300
	TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC	3360
25	TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA	3420
	TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTTGAGCCA TTTTACGAAT	3480
	GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG	3540
30	ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG	3600
	CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA	3660
35	TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAC TAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG	3720
	ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT	3780
	CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA	3840
40	AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT	3900
	TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG	3960
	AGAAAAATAA TTACATTAAG GAACACGGTT TAAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG	4020
45	TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG	4080
	AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT	4140
	AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTTT TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG	4200
50	ACACTTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTGCG TTAATAATTT GTTTTATTTT	4260
	CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCATTACT AAAACAAATT CATATTAECT	4320

55

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTTG CGTAGyTTTA	4680
10	TTGTTTGAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
	GATGGTTTAT TCGAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
15	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTTGTCGT ACTTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTCTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTtG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGTTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCGGA CTGTTTGTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCTT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT	5460
35	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTAAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAACCTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

(A) LENGTH: 977 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

```

10 AACAAAGCCT TCCAATTATC TGCCTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG      60
   CTAAACAGTC CTTACGATTT ATACGGCAGC ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTCGATTCA      120
   TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA      180
15 GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA      240
   AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA      300
   GCTGATTTAC GTGGATTGTA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG      360
20 CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG      420
   AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG      480
25 AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAATTAT      540
   ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAc      600
   GATCAGCGAT GGaTTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA      660
30 AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA      720
   TTTGTCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA      780
   CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA      840
35 ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTTAA GCGTtGGGTT      900
   ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG      960
   CTTATCCACG GGGAGTG      977

```

40

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1440 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50

```

AGACAGTGAT yGaATTTcAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC      60
TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT      120

```

55

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT 360
 TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CATTGTGAAC ATCTGGTAAC 600
 15 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TstCTTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660
 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT 840
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900
 TGC GTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCA 960
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTC AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTCAATA 1200
 ATGTCATTTG CTGTTTAAAT AACGAACTT AAAGTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260
 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTTCCTCAC CTAGCGTTTC AGAACTTGT CTAGTAAAGG 1320
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTGTGC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 784 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAaG TGTCTACAA 60
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTA GTTACA CCCTCAGCAA 120

55

CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA 240
 TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GCTCCGATA AATCGTATCA GTTACAAATG 300
 5 AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAAC 360
 CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA 420
 10 TTCTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCAC AAATTTAGCA GTTAATGTTT 480
 CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC 540
 ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT 600
 15 CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC 660
 TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGTTCTTT AGCAGCATT TCAATTACAG 720
 TTTGTCCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTTGCACCT ACGCnAACCA 780
 20 TATC 784

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 3733 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:

CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTG TGACCTCATA CCAACAAAA AACAGTCTCG 60
 35 CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT 120
 CTGTAGCTAC AAAGaTTTTC CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTCATTG TAATCATCAC 180
 AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAACT CCTACATCTG 240
 40 TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTTGTCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA 300
 AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT 360
 CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG 420
 45 CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTCTG GTGTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT 480
 TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT 540
 GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT 600
 50 GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA 660
 ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC 720

55

EP 0 786 519 A2

	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTTGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
15	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAGCTT CTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
35	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTAAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT AACAAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCG	2520
55		

EP 0 786 519 A2

	GAACCAACTT CAGnTTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCAATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTTAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcctTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
	ATTTACCGCT TAATCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
15	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTC	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTTAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTTCTTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATTG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

40	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 525 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTAAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTGGAAG AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

55

EP 0 786 519 A2

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA~~r~~ACTTTGC 300
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTAAAAATGC 360
 5 CAAAACGTAC TTCTACTAAA GACGACATTC GTAAATTTCG AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420
 ATTTAAGATT ACAATTCAC~~T~~ GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480
 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525
 10

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 15

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTC TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60
 GTTGTTCA~~G~~T TTAAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120
 25 AAGTGTGATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGG CGCAAGTAGC AGTTTTTTTCA 180
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240
 TGaCCATGCT G~~l~~AGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CcLAGCTAAT TGGACTGGTA 420
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAAGCTC TTTATTCA~~G~~T TCTCTTAITTA 480
 35 TTTGTCCTGC TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540
 TATTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600
 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660
 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720
 ATAAACAGTC CGTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGGAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TG~~T~~AGACTCT 900
 TTA~~C~~TAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTTGT 1020
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG cATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200
 TGTATGTTTG ACTTTTGTty TCTtTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260
 5 TTyCTTTTGG TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAmATT AGCyTCATAA CCGAATTCAg 1320
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380
 10 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 15 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTTCGCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTatCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60
 AAGCAGTTAT TGACTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTCATCTT TAGGCTTGTT 180
 ATTAGTAAGT AGTTTAATAC CACTGATTAA CCATAAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360
 TACAGTGAAA ATTGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAACTGT 420
 35 TGTGGACAC AT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2426 base pairs
 40 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACArG 120
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

55

EP 0 786 519 A2

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGTGATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTACTAAAAT AGAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCAATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTC CTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
35	CATTTTAAAG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTTGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGGTAC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAGT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040
55		

EP 0 786 519 A2

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220
 5 CTCCTTGTTT ATACTTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400
 10 ACTTTTTnCA ACAAATGTCT nACATG 2426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTtagT CTTAAATCCG 120
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTa TAATGAGATA 180
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGAAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240
 30 ATGCATTTAT TGTCTGAGTA TAGTTCAAGA ACAGTTGTAT TATCAAAGG TCAAGTCGTT 300
 GCTGATACCA CGCCagTATT GGTTTAAAT GATAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420
 35 GTACAATTAT TTATTAAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTC ATCAATTAAA TCGGACTGTT AAACTTTTAT 540
 40 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600
 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAAAT ATGCTCATAT TGAATGAAA CAAGTTCGCT 660
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAaTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtta ATATTTCACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

EP 0 786 519 A2

	TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA	1140
	GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG	1200
5	ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT	1260
	TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA	1320
	GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT	1380
10	TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT	1440
	CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC	1500
15	CATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT	1560
	ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT	1620
	TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC	1680
20	ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT	1740
	AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTAAATTC ACGGAGACGA TACTATGGAC	1800
	GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAANAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA	1860
25	AAATAAAATT AAAA	1874

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

30	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 5280 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

	TCAACATTTT TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA	60
40	ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC	120
	TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA	180
	AAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG	240
45	TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT	300
	TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTAA	360
50	AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT	420
	TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG	480
55	TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA	540

EP 0 786 519 A2

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGa TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
15	ATTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAAGAG	1080
	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAACTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCCTAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
30	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTga AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATTC	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
45	AATATGATTA TGACTTTTTTC CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
50	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
55	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTCA	2340

	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCAGT TTAGCACTAG GGCTTTTAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGaTTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAAC TAAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGACTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
25	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAAT ATTCTGTCGG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCTTG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTTATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCAAT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

EP 0 786 519 A2

CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA 4260
CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA 4320
5 AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG 4380
GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTGTGCCCA GATTATTTCA 4440
TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA 4500
10 ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG 4560
GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA 4620
15 AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAGAAGC 4680
AGATTTCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC 4740
TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA 4800
20 CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA 4860
ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC 4920
ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTAT 4980
25 GTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG 5040
AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA 5100
CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT 5160
30 AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAATAATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG 5220
AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG 5280

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 886 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45 AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT 60
AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA 120
50 GCTTCATCCG AAAAAGGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAmA 180
TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA 240
AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT 300

55

GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT 420
 AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAAA 480
 5 ATCATTAAATT TATTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT 540
 TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA 600
 TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA 660
 10 TCACCTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA 720
 CAATAATGCA CTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA 780
 15 ATTACtTAAA ACGGGgTtCy AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTat 840
 CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC 886

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4336 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAACTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT 60
 30 TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA 120
 AACAACTAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAATATA TTTGTTTTTC 180
 35 ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT 240
 TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG 300
 AGCAAATAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA 360
 40 CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG 420
 TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA 480
 AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA 540
 45 AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG 600
 GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG 660
 50 GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT 720
 CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA 780
 AAATAACACT AAAAGAACTG GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC 840

EP 0 786 519 A2

	ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCCGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTGAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
25	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGC GGCG ACAGCGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGAATGCGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AAACCTTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTAAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640

EP 0 786 519 A2

GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAAAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT 2760
 TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC 2820
 5 AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC 2880
 AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AAACCTTAGAA TCGAAAAAGC 2940
 CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG 3000
 10 TTTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA 3060
 AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG 3120
 GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA 3180
 15 TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG 3240
 GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTITTTACT ATTCTAATTA 3300
 20 AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTAGCAAAA CTCGACCGAC 3360
 AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC 3420
 AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT 3480
 25 GGGAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC 3540
 AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG 3600
 ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA 3660
 30 ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC 3720
 CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT 3780
 35 TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA 3840
 CATGGAACCT AAAATATAAA CAATTAAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG 3900
 AACAGAAAAA GATAGGTGAT TTCTTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AACAGAAAAA 3960
 40 TGAAAATTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC 4020
 TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA 4080
 AAAGTAAAGT GAATTAAGAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT 4140
 45 TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAGTTG AGATAAAGTG 4200
 TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA 4260
 50 TTAAATTACT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA 4320
 TTGCTCATTA TAATGA 4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

(A) LENGTH: 487 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTTTCAGGT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAACACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTTAA TAATTCCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CanTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

35	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
40	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACTTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAC ATCCCAATTG 720
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTTGTGGA GAcATTaAAA 840
 ATTCACGTGT CGCACTAGTA ATTACCAaAG T 871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTG ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTTCA 180
 25 CCATTGGTTG CATTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTTGTTTG TTTTCAAAAT 240
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTTGTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300
 CTAAAGCCTG TTGTcTATTA TTAGGTGTCA TTTCTtGTCC TGTTCTCTCA aAAWAGCTTT 360
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1523 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTG AACTATATCT 60
 45 ATATTTAATT ATTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180
 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240
 50 AAACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaAA TTCGTTGTGA CGCTTGTCCTA TCTTCTAATG 360

EP 0 786 519 A2

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540
 5 AGAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AAATGTCTTC ATAACTGAA ACGTCTTTCA 660
 10 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAAAAATAA 720
 CATAATCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900
 TATGTGATAA TTTATCATT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTCTT AGCATTTTAA 1080
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTCG 1200
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260
 GTTGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4923 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATT AATTCGAGA 60
 TTCAATATTA GTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTTATAAAT 120
 50 CAAAGTCTTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240

EP 0 786 519 A2

	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTATTAAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
10	AAAGTATTTT CTTTCTATTG TGTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCTTCGC	600
	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGACTATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
15	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTTC AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TTGTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCAC ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAATAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTAAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTAGTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAATC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTTGC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTTCATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTAAAGT TTGTTAATA TCTTCTCTG	1560
40	TATGTTTCACT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTCCCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAAAT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
50	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
55	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

	AAATTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA	2160
	CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT	2220
5	AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TGCACGCTT TCTGGAACAC	2280
	CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT	2340
10	CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC	2400
	GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT	2460
	CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTTCTAAT TCAGTCGGTG	2520
15	TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG	2580
	CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA	2640
	CATCATATAA ATATGCACCG TGTCCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG	2700
20	CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTGTTT GAAAGTTGTT	2760
	GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTAAATTT AATATTTTCA	2820
25	TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA	2880
	GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT	2940
	ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT	3000
30	ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA	3060
	GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA	3120
	TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTTAAATTAG CTAAAGAAAT GCGGTATATC	3180
35	AGTTAAAAAA ATCATTTGCC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG	3240
	ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTAA GGTAAAAACA CAAATAGAAG	3300
	AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA	3360
40	AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAGC	3420
	ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG	3480
45	TATCAATGAG GCATTTTAC GACGTTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC	3540
	GGGTGTAAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG	3600
	AAAAGGTGTT CAAGCTAAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATTT TAGATGATTA	3660
50	TAAAAAGATG AACTATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAAATAAC	3720
	TGGTAAACGC CTATCAGGAC AAACAGTTTT ATTTTLAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG	3780
	AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTAAATAT GAATTTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA	3840

	TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA	3960
	AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT	4020
5	AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTCGAC ATGCATATTT	4080
	AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT	4140
	AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT	4200
10	TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa	4260
	TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGAATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC	4320
15	AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG	4380
	TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG	4440
	GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTTCT TCACATACTs	4500
20	ATCCAACAsC TGaTGAAATT TATCAAGCAC TTTCACTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTTG	4560
	CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT	4620
	ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG	4680
25	AACAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG	4740
	CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTTAT GGAGTTTGTA	4800
	AAGAATGCCA AGATAAATAA TTTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAAA AGCGTTACTw	4860
30	ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT	4920
	TTT	4923

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 917 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45	TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC	60
	TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACnTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA	120
	ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA	180
50	CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTC GTTTCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT	240
	GTCGATTGGT TTCATTAATT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT	300

EP 0 786 519 A2

5 GCGATCCATT GTTTGTTTGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTTCGT CTTCAATTGCT 480
 10 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600
 ACTTTCCACT CCTTAACCTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660
 15 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780
 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

20 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 432 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 25 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60
 TTTCAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180
 TATACTCAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTC TTTCACCTTT AGAAAACCTT TAATACTATA 300
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGAA CTCAATGCgT 360
 ATATTACAAT ACCTTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420
 ATCTCTTTCT CT 432

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1374 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 50 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

TTTTGCTTTA TGTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG 60
 TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCCT 120
 5 ACTTCTACAT TATTAATAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA 180
 TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA 240
 TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA 300
 10 ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCCA AGTATTTTGA TTGATAATAT 360
 CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA 420
 TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA 480
 15 TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC 540
 TTTCTGTGGA AGTTCGAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA 600
 20 ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA 660
 AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT 720
 TCTTCCAATC TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACCTT TTGGCAATAT 780
 25 CATTTATCGC ATTCATTAAT GATTTAAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT 840
 GCGCAGATAC TAAAATGTAT TGTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT 900
 GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCAT CGGTGATCCT GTYACAAAGA 960
 30 TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA 1020
 GATTACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT 1080
 35 CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTTAATCGT TTAGCAGATA 1140
 CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAGA TGCATCTGGT TGTTGCGTA 1200
 ATAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCATCGT TTCTCCAnGt TACTTCCAAC 1260
 40 TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA 1320
 TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTAnAAATAT TGAT 1374

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1472 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120
 TTGTCCTTTT TGAAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300
 AACAAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360
 10 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTT 420
 CGCTTTTTCa AAActATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480
 CATAGCATGA TTAAAATACT TTGCCGCTTC GTAACTTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540
 15 TTGTCGtKgt GCGCTGTGC AAAGTGTATC ACTTCTCCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTc ATTTTCAGTT 660
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780
 AACC GGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACITCATT 1080
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT 1140
 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200
 35 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320
 40 GCTAAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCCCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1054 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAAC AGAACAAATT 60
 ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA 120
 5 GCGGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT 180
 CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAATTTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC 240
 TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC 300
 10 AAAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC 360
 TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT 420
 15 TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA 480
 GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA 540
 TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT 600
 20 CCCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT 660
 AGATGTTTTT AGTGAAAAC TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA 720
 AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT 780
 25 CGGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC 840
 AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG 900
 CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA 960
 30 GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA 1020
 AATTGCTAGA GATGAATTTT CTGATTTTCA AGTG 1054

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1057 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

45 AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG 60
 AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC 120
 GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG 180
 50 TTTTGTAATT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA 240
 TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAAT ACAAAAATAG TAGATTCCAA 300

55

EP 0 786 519 A2

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAATGGAT CGTCTTGAAA 420
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTCATG GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTCATTAAA 480
 5 TTGTTATAGC TTTTATATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600
 10 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660
 ATAATACTTG CTTCACTACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTCAAAGT GAATTATTCG 720
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780
 15 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TGCCTCATGA GCGCTTGAA CATTATTTGA 840
 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900
 ATTCAATTTT TATAAAAAAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960
 20 GATGaaCAGG tTATAATATA TGraTATaTa CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3754 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

35 CTGTGCTGTA TTTACTTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG nTGAGTTAT 60
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTGTGTT TAAAATTGAG 240
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300
 GTTGTTATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360
 45 ATTATTGTAA AACAAATAGT TTAATTtAT TTTCTGATaT ATCATATGTt ATTcTACCTG 420
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480
 CTTTCCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTCGTTT CAATATATTT ACCATTCACA TAAGATTTAC 660

	AAACTGGAAT ATCAATAAAT TCTTTTTTAG TCATCTTTC ACTTTCATTA GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT TGGTAATAAA GATGAATTAT TTTTCTTATT ATTATATTCA TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG CTTTGTCTTA ACATTATTCA ATTTTCATCGT CATTTTACCA TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT TTCTTTTTTA GCTTTTTGTA GAAAGGATGC TATTTTGTA TTTTAAAT	960
10	AATCTAATAC TTTTATCTC AGTTTCATCA AACGAATAAA CAGCAAAATC AGTCTGTATA	1020
	TCTACAACAA GATTTCTGT TTCGCTCTCG AATTCATTTT CATAGTCAGT TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT CATTATTCAA AAGCGTGATA ATAACATCTT TACGATATGC ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT TTCACCTACT TATCAATATA AGGTACTATA TGaGcACCTG GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT CCTTTCTGG TTTCAATATA CACATTTTCG ATATGTATTT TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA TTAATAATCT CTTTCAAATC AAATCGCTCA TCACTTAATA TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT TTTTCTCTTA ACAATTCATT CAATAAATCT ATAGAAAGTA TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT TTATTATTTA AAATGGCTCT TTTTTTATTT TCATTATATA GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT CTATTTTATT TTCCGCAATT TATTTCTATT TTTATTTTAC CATTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC ATCTGGTTTT TAGCTTTTtC CTGtAATTAT GCTTCTTTTA CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACCT TCACGCTCTT TAAAGAACTT GTCCCGCCAA TTGCCAACAT GTGGCACTGT	1620
30	GGTACTTCTA CACCAAGGAT GCATAGGTGG CGCATTCACA CCTGGTATCA TATCTTTAAC	1680
	TTTAAATATT TTTCCGTTAA GTGAATGACA TAATTTAGAT GTTTTACTAT CTATTTGGC	1740
	AACATATTTA TATTCGCCAT CTTACCAAG TTCTTTTAAA TATGTTAACT TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA GTAAATAGTT AAAAAAGCGT ATAAAAATAG CACCACTTTC TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG ATGCTATTTA TCTTTTGAAT TTGAATCTT TTTCGCTTTT TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC AACTAATCTT TAAAAGATT CACTCAATTC TTTTGCAGTT ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA ATCTAACATA ATTAAATCA TCTCACTTTA TATTTAATCa TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT TTCAATAATT TTTCAATATG GCTATCATTA ATGATATTAA TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA CAAAATTTAC TCACTATTTT ACCATGAAAC CTATTTGACT TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT CCCTTATTAG TAACGATTGT CATTGATTTT ATTGATGGAT GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA TCATATTCTG AAAATCCTGA CTGTCCAGGA TGGTTATGTA ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT TTAAGTTTAA ATAATAATTC GGTGCTTGT TACCCTGGCA CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA TTGACATATA CTTTTGTAAA TTTACCATCT TTTAACAAAT AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA TTGTTTTCCA TGAGATATAC CTCCGTTTAT AGtCTGTGGA CTGATATTCC	2460

55

EP 0 786 519 A2

GAAGGTTAAA ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580
 AAATAGCCCT TTAGTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640
 5 TCTTGATTTT tTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700
 CATTTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAAATATT TATATGTAAC 2760
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTTCCACC TCTAATTAAT 2820
 10 TAAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAATT 2880
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940
 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000
 15 AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060
 TTGAATTAAA TTTTATTTA TATTAGTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420
 TTTATATTCTG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600
 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660
 35 TTTAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720
 TACCGTTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

40 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 815 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 45 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTCAG 120

55

CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAAACCATA 240
 CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG 300
 5 GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTTG TTGCAACTAC 360
 AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA 420
 10 TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT 480
 TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA 540
 ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA 600
 15 TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA 660
 GTAGTGTITT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA 720
 GGATTTGTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA 780
 20 ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT 815

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 25 (A) LENGTH: 919 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

GAAACGAATA ATAAATTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT 60
 35 CTCGATAmGT TGATTAATAT TTTAAAATAA GCGATACACA CTACTAAAAT TGTATTATTA 120
 TTATGTTnAA TTGACnCTC CTAAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGTITTATT 180
 TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG 240
 40 CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT 300
 AAATAGTATT ATTCAGTAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT 360
 TATTTTTATC CcATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTC ATAATAAAGG TTTAAAGCAT 420
 45 GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA 480
 GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA 540
 GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA 600
 50 CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT 660
 GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT 720

55

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60
 20 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATTT ACATATGACC ATAAAAATTT 180
 ACTAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240
 25 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420
 30 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCATT 518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60
 45 TGCAGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120
 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTTACTAGTG GTGCACTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180
 50 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

	CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT	420
	TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTCATG TAGATGCGGT	480
5	TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG	540
	ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT	600
	TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT	660
10	GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT	720
	GAATGCATTG GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCAA TTTTAAATA AATATCATGG	780
15	AGTTTATATT AATTCTTCAA CTTCAGGTTT ACCATTCGTT TTAAATATTA GTTTTCCTGG	840
	CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC	900
	AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC	960
20	AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTTGGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA	1020
	TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA	1080
	ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT	1140
25	AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCATTAAA AGGACTTGAT	1200
	GGGTTTGTG TTAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT	1260
	ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA	1320
30	TTAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT	1380
	TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG	1440
35	GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA	1500
	TATTTCCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT	1539

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 968 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

50	ATAnCGTATA CATGTGTTCT TAAAATTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA	60
	TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA	120
	GGTGTAAGT CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT	180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTA 300
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420
 GCCGATTTAT TTTTAGATTG TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAGGTCG CGTAGAACCT 660
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTCACATCA AATGAAACAT 720
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960
 AATGTTTT 968

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 436 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTG 60
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTCa 120
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTCAATATT GAGTTCATAT 180
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAATTTTCG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGA GGGaGAATAT 360
 TTCGTwATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420
 aAATTGaGAA ATCGCA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2554 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTGTGC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTGAGG	360
	TGAGTTTAAA CTGATATGA ATTCACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAATGCGCTT TTTTATCAG CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
25	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAAT AAATTCTGAT AAAAATCTGT	600
	TTCTTCCCCA AAAATTAAT CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTCATCAA CAAGTCCTCG	780
	TTGATTTTGG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTTTTTA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAATGTAT TAAACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TtATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAACCT GGtKGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTGTTCGAA	1440
	tACTCTTTG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTC	1500
	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

55

EP 0 786 519 A2

	TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG	1680
	ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA	1740
5	AATTCACCTTA TAATAGTGTC TTTTGCACTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA	1800
	ACAAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC	1860
10	TTTTCTCGCA CTTCATTAAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT	1920
	ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTG GAAAACGGTA TCCCATATTT	1980
	AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT	2040
15	TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT	2100
	ATTTGTTTCT CAACACTTTC AGGTTCTACA TTGCCGACAA CATAACAGA ACATTGATCA	2160
	TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT	2220
20	TCTAGTTGTC CTGTAGATAA GTATTTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT	2280
	TTTAAACAG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT	2340
25	GTTTTCTCTT GGTTAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA	2400
	ATGATTCTT GtAATAAATC TAATCCTTga TTAAATAATG AwTCACCGkT TCyTAAATAA	2460
	CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT	2520
30	GTA CTATTCA CATACGCACC ATATAAATCG GCTA	2554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

	TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA	60
45	AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTtagTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT	120
	TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG	180
	GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA	240
50	ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA	300
	TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT	360
55	TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG	420

EP 0 786 519 A2

TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA 540
 TGACAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTTGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA 600
 5 TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT 660
 TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA 720
 CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG 780
 10 TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GCGCAATGA 840
 AAGTGTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA 900
 15 TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTAA CAAAGTAATA 960
 AAAAAGCAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA 1020
 TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTAA 1080
 20 AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT 1140
 AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG 1200
 AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTT TGTCCCAATC CCTACTATAT 1260
 25 AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA 1320
 TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT 1380
 30 CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT 1424

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 676 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC 60
 45 TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT 120
 CACTTGATGA CCAAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT 180
 TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC 240
 50 CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTTCT AGCGCTTTCA CTTCTTCTCT 300
 CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTTTCTTA ATTGATATC TTGGATGTGT 360
 CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC 420
 55

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGtKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AkAAAATGKA 540
 AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600
 5 TTTTGTTCCT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACTTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTTCTCCT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGCATTGAA 300
 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTCTT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360
 30 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTA ATGTTTTTTT CTAATAACTC 420
 KAAAGTCTCA GCTGtAAAAg TTTTAAGTTT AATT 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 894 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60
 CTTGTTGTGA AACGAACTCT TGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTA AAGATCTCCT 120
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAACCTATCA 300

EP 0 786 519 A2

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420
TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480
5 TGATACGATT TTAAAATTTT ATTCATACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540
CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCACTAAAC 600
ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAAATAAC ATCTGCAGTG 660
10 TTAATATCAG TCGTkGCTTG aTAGCCTAAT GCyTCmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720
TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780
15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACCnCC 840
TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 441 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60
TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120
TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180
35 TAATTTAAAA TTAAAAATCG TCAATATGTC ATTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240
TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300
TGATTTTTC AATTATATTA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360
40 TAATGAATAT AAAGATATCm AAGACTTTAA TAATAAAna GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420
AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1205 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

EP 0 786 519 A2

AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC 120
 TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT 180
 5 GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTAAACATT TGAAAGAAAT 240
 ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTC TTGAAAAAC 300
 GTTGAAC TTT ATTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTAAT AAAGATtGGA 360
 10 ACTTTTGTA ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTCGAACTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT 420
 CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCAGTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGGCGAT 480
 15 ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA 540
 TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT 600
 TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA 660
 20 TTTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTGTA 720
 AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAATAATATT 780
 TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTG TtTAAATTCT ATtTCATGAT 840
 25 TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA 900
 ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTTC CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA 960
 30 TTAAAAATAG TGTTTCGTAAG TGTTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAAATG TTATGGAATA 1020
 AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT 1080
 TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT 1140
 35 AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT 1200
 TTCGT 1205

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 570 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50 TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT 60
 AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT 120
 TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA 180
 55

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300
 TGrTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480
 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540
 10 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 939 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120
 TTTATTCCTG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACTTTA 180
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTACTTCTAT ATCGTTTTGC GTACTATTTT 240
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGTkT ACGATGCTTT tATATGATGG 480
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTT 600
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660
 45 GTTAGCTATT ATTTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCGT AGAGCGAATA GGTGAAACG 720
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1059 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

10	GAATTAATTA AATATTACAC ACAGCCTCAT TTTTCATTTT CAAATAAATG GCTATATCAA	60
	TATGATAATG GAAACATTTA TGTGAACTT AnGAGATATT CATGGTCAGC ACATATATCT	120
	TTATGGGGCG CTGAAaGtYg GGGAAATATT AATCAGTTAA AAGATCGTTA CGTAGATGTG	180
15	TTTGGACTAA AAGACAAAGA TACTGATCAG TTATGGTGGT CTTATAGAGA GACATTTACA	240
	GGTGGCGTTA CACCAGCCGC AAAACCTTCT GATAAAACTT ATAATCTTTT TGTGCAATAC	300
	AAAGATAAAC TACAAACGAT TATTGGTGGC CATAAAATAT ACCAAGGCAA TAAACCAGTA	360
20	TTAACATTGA AAGAAATCGA TTTCCGTGCA CGAGAAGCGT TAATAAAAAA TAAATATTA	420
	TATAACGAAA ATCGTAATAA AGGTAAGCTT AAGATCACCG GTGGCGGTAA TAACTACACT	480
25	ATTGATTTAA GCAAAAGATT ACATTCAGAT CTAGCAAATG TTTATGTTAA AAATCCTAAT	540
	AAAATAACTG TTGACGTCCT CTTTGATTAG TATATGAAGG TGACTTATAC TTCATGCACT	600
	TTAATTCCAA ATCAGATTAT TTAAATGATA ATTTTTAAAG TGTATGATGT ATATAATAGG	660
30	TAAAATTTTC TATATATTTA AATGGAATTG GGAGTAGGAA TGTGACAGAA ATAGTATTTT	720
	ATAAAATTTA TTctTGTCAC TCCCCAACTT GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTCCGCCAG	780
	CTTCTATGTT GGGGCCCCGC CAACTTGCAT TGTCTGTAGA aTTTCTTTTT GAAATTCTCT	840
35	ATGTTGGGGC CCCGCCTATA ATTGAAAAAT GCTTGTTACA TGGGCATTTT CATTCGGTCA	900
	ACTACTACCA ATATAATATT GtAGaGCCTA AGACATTGAT TTATTATGTC TTAGGCTCTA	960
	TTCTTCATT TAATGATTAA nTTATTATAG CAATACTTTA TTGTCCCATG ATTAGTGTTT	1020
40	TTTTAATGAG ACATAGTAAC TATAAAGTTT AATAATCGT	1059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 574 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

55	GTTTGCTTTA GGTCTGTTT CATATTTATA CTTGGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG	60
----	--	----

TTCAACTkGC TTTTATTCT TTTGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360
 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420
 10 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCAATATA 540
 15 TCCTTTTTTC TTCAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

20 (A) LENGTH: 796 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60
 30 AATTCACGCA ATTTCGACAG GAAAAATCCA AGATTTCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120
 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240
 35 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTACCT ACACTACCTA CTCATGCGAT 300
 GTTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGGTAATCA 360
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAAAT 420
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600
 45 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTT TGTACCAAC 660
 AAGACGCGAT AACTTCAAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720
 50 ATAAGTGTTA AATGAACTTT TCAAAACaNa AAGGAATCAA CTTCACACAT CGTTTGTATG 780
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

55

EP 0 786 519 A2

(A) LENGTH: 1095 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

10	AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
	TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTTAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATTT TGTGTTTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
25	ATAGAGTTCG TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTA TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCATT TCTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATTC CCAATCATCT AAATTTCACT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTTCAGT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAY	1020
40	CTyCAAATTG AAAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTAAATA TATTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

45

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 489 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:

55

ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTTC TACAGCTAATT CTTTATCCTT 180
 5 CACCATTTTC ACAAACCTTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240
 AGTCTTGCGA TTAAATCTT CCACAAATTG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300
 ATTTTTCGGA TGAATATTTG AATTCGCGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTTAA 360
 10 AACTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTCa TAATTAATTT 480
 15 GTnGATTTn 489

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1287 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTGTGTA AAAATTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60
 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120
 30 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240
 35 GATATGAGTC GCTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTCGCAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720
 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780
 50 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTTCTCTT GGAATGCTTT 900

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080
 5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAAATC CATAAaACA ATAAATGTCA 1200
 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAACT TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260
 10 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATTCCC TATCCCAAAC 60
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240
 CTTGGGGTTA GCTTTTTTAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTGGA 360
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420
 ATTGTGCGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTTCC ACCTATTCAA 540
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTTAACCG CTATTTTAA TCGTTCCTTA 660
 AAATAAAAA CAAGTCATTT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AAATATTGG TCTATTATGT 900
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960
 ACTTGTAATT ATTTTAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

EP 0 786 519 A2

CAACTCATTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTAAT AATTTACACC AAATTAATAG 1140
 CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTT ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200
 5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTC TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTT CAATTTTTTT 60
 20 AACTTTATCA ATCTCATTAT CTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCAT CTGTGCTAG 120
 AGCTTGTTTCG TGTTTTCTG ATAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180
 TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240
 25 CATCATTGTT CTTAGGTCT TTCCAATTTC TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300
 TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360
 ATTCTTGAGT CTCCTGCAAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420
 30 ATGACTCTGC CTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60
 45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTC TGTAATAAAA 120
 AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180
 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240
 50 TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300
 ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCCC AAAGTGTCTG TCCCCATAAT AA

452

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1472 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG	60
	TAAATAAAT GGCTTTAACG CTTCTTCTTT TTCACCTTCA AGCATATCTG GTTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT GGAGATTTC AATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC ATACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCATTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA	300
	CACTTCAATC ACTGTACTAT TTGTTCTACC AGGAATTGGT GGTTTTTTCAT GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATT ACGTTTAATAC CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTCCTCAG TTCAAATCTC TCAGTTTCAG CTAAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTTACC AAGACCACTT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTTGA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATACTTATA CGAAATCCA AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGGTTT CAATTGTTCA TTAAAACGAA ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTCA CCACATCCAA GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA GATGGGTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA	900
	CGGTTCATTA TGATTCCAAC GGTATATACC ACAATTCAAC CAAAAATAAT TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA ATACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT	1020
45	TAGTGTCTTCT TATGCAGTTG GACGCGTATG CGAACAACTG TATACCCTTT GTTCACTGCG	1080
	ATTTTAATCG CATTTCCTAT AACATTGTAG CGCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCAGACC	1140
	CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTTTGCT TTACAACAAG TGCGACTCTA	1200
50	AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTT CTATATTTTA	1260
	TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC	1320

55

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCTnAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 787 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300
GGATGTGGTC TGCGGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTTG AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTT 600
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660
TTTCACAACG GGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTTCATCTT CTCTGTCTTA 720
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 830 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAATGAAG ACTATTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360
 10 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420
 TGCAATTTAG GTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480
 CGCAAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540
 15 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600
 GTTTGCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660
 TCGAGTTGCT CTTTAAATTT GGTTAGATTG TTTTTAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780
 TCTAGTATGT CaGCGTCGCT TTAGCATTAG AACTTAaTat TTAtAcTCTT 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 412 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240
 GACTCATACG AATATTCATT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAA GTATGAGCTT 300
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTtAACAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360
 45 ActAAATAAA AGGGkaCtaT TTGaATCaAA CmAtaTGtAT TAACCTTTTT TA 412

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4709 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGTATCA	120
	GTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTTAACCAA	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGASAACA ATGGTCATGA AGCTGATTTG AATGTACGTA TGACTTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAGAAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAA GATGCAAATT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGGTTATGG TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TTACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATTCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTCGAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAATTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAT GACTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
	TAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGGC	1560
50	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680

55

EP 0 786 519 A2

	GTCAAACACT AATAATGGCG AAACGAGTGT GGCGCAAAAT CCAGCACAAC AGGAAACGAC	1800
	ACAATCATCA TCAACAAATG CAACTACGGA AGAAACGCCG GTAACCTGGT AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG AATCAAGCTA ATACACCGGC AACAACTCAA TCAAGCAATA CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG AATCAAACAA GTAATGAAAC GACTTCTAAT GATACTAATA CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA CCTCAAAATT CTACAAATGC GGAAAATGTT TCAACAACGC AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA ACACCTTCAA ACAATGAATC AGCTCCACAG AGTACAGATG CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT AATCAAGCGG TTAATACAAG TGCGCCTAGA ATGAGAGCAT TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT GCAGATGCAC CGGTAGCTGG CACAGATATT ACGAATCAGT TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT ATTGACTCTG GTACGACTGT GTATCCGCAC CAAGCAGGTT ATGTCAAAC	2280
	GAATTATGGT TTTTCAGTGC CTAATTCTGC TGTTAAAGGT GACACATTCA AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA TTAAACTTAA ATGGTGTAAC TTCAACTGCT AAAGTGCCAC CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA GTATTGGCAA ATGGTGTAAT CGATAGTGAT GGTAATGTTA TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT GTAAATACTA AAGATGATGT AAAAGCAACT TTGACCATGC CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA AATGTTAAAA AGACAGGTAA TGTGACATTG GCTACTGGCA TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC AAAACAGTAT TAGTAGATTA TGAAAAATAT GGTAAGTTTT ATAACCTATC	2640
30	TATTAAAGGT ACAATTGACC AAATCGATAA AACAAATAAT ACGTATCGTC AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA AGTGGAGATA ACGTTATTGC GCCGGTTTTA ACAGGTAATT TAAAACCAAA	2760
	TACGGATAGT AATGCATTAA TAGATCAGCA AAATACAAGT ATTAAAGTAT ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT GATTTATCTG AAAGTTACTT TGTGAATCCA GAAAACCTTG AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG AATATTACAT TCCCAAATCC AAATCAATAT AAAGTAGAGT TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA ATTACAACAC CGTATATAGT AGTTGTTAAT GGTCATATTG ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT TTAGCTTTAC GTTCAACTTT ATATGGGTAT AACTCGAATA TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA TGGGACAACG AAGTAGCATT TAATAACGGA TCAGGTTCTG GTGACGGTAT	3120
	CGATAAACCA GTTGTTCTTG AACAACTGA TGAGCCTGGT GAAATTGAAC CAATTCCAGA	3180
45	GGATTCAGAT TCTGACCCAG GTTCAGATTG TGGCAGCGAT TCTAATTCAG ATAGCGGTTT	3240
	AGATTCGGGT AGTGATTCTA CATCAGATAG TGGTTCAGAT TCAGCGAGTG ATTCAGATTG	3300
50	AGCAAGTGAT TCAGACTCAG CGAGTGATTG AGATTCAGCA AGCGATTCCG ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC TCAGACAATG ACTCGGATTG AGATAGCGAT TCTGACTCAG ACAGTGACTC	3420
	AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCAGATAG CGATTCTGAC TCAGACAGTG ACTCGGATTG	3480
55		

EP 0 786 519 A2

	CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTG	3600
	CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTG	3660
5	AGACAGCGAT TCAGATTCAG ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCCGACAG	3720
	TGACTCCGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTG CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC	3780
	AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC	3840
10	CGACAGTGAC TCGGATTTCAG ATAGCGACTC AGACTCCGAT AGCGACTCCG ATTCAGATAG	3900
	CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAATC AGACAGCGAT TCAGATTTCAG ACAGCGACTC	3960
15	AGACAGTGAC TCAGATTTCAG ATAGTGACTC GGATTTCAGCG AGTGATTTCAG ACTCAGGTAG	4020
	TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC	4080
	AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA	4140
20	TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC	4200
	AAATACGTCA CTAATTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG	4260
	AAAAAAGAA AATAAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTG	4320
25	ATGAAGnAAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA	4380
	TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT	4440
	TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTGTGTTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA	4500
30	AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAAT	4560
	TTGGGAAAGT AATCGTGCGA GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG	4620
35	TCGTTGAAAC TGAATAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA	4680
	TTGGATGATT TCAATATGGT CChTTCCCA	4709

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1554 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

50	CTTTTTTAAt TAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTcGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT	60
	CATTTaATAA gCgCTTCaCc ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTcGCCAGT AGAAACATCA	120
	CAGTAACTAA GCGCAATTTC AGGTTGATTG ATAACAAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT	180

55

EP 0 786 519 A2

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300
TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360
5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTTA AAGTAATTC AAGTAyACGT 420
GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480
AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540
10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTGTCTC TTTTAAAAT TTGTCTTTAC AATATATTCC 600
TTTGTAAGyT TTTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTTAACATAC TTACTTTTAC 660
AAACCTATTC ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAA CGCCTCAAAC 720
15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780
TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840
20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900
AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaA CGTAATCATT AACGGTTTAA 960
TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020
25 CaCCAGTTCC aAGTACTTCa CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080
ACATACTAGC CAATAAACT CCAATCATAc TACCCGGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140
CAAAAAGAAC TCTTAAATt GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200
30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260
GAGGAATGAT GATAAACTG CTTAATACAA CATTtATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320
CCAGTTTTCT TGATTTcATA TGATTGTtCT CTTTTTGTt TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380
35 GGCTTTATTA TGGTCATTtA AACGTGTTTC CATTGTtGAT ACAAACATTT TCAATAATTG 1440
ATTcGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500
40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 638 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCAAT GTTTGTATAG 60

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180
 TGTTCCCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCtCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCAAAGCG 240
 5 TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAACTT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360
 TTTTCGATTTC TGAAGTGTGT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCT AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTCG GCTATGGCGT AGGCcTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTTCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600
 15 GTTcGAATTk CAACArGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1242 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGACTTTAGG ATTTGTCATT 60
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180
 AAACCTAATA GCTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA 240
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAACTGA 540
 45 ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTAAATGAc AATCATACAC CTTTGTGATAA 600
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780
 GTCAGAAGCT GAATTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

55

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTTAG ATGAACAGTA 960
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020
 5 CGTTTTCAAA TGGGTTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080
 AGCCTTTTTA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaAAAAat 1200
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 744 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120
 ATGGGATCAA ATCCAAGTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180
 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240
 30 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360
 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420
 35 ACAATTCCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCGTGAA GTTGTAAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AACAGAACG TGAAAAATTA 600
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAAACAGA CCTATTGGTA 720
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1449 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAAGTCT TGCCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAAGTAG TTTGTTTAAC TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTC TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
10	GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTCAT TACATTGTCT GTTGCCTATA TACCGTGTTC GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
	CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTCG TTTTGTCTTT	420
15	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTTT	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGGTTTCGT TTTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTGCAT TTGAGTATCC TCCTTTTTC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACTTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGTCTA	900
30	ACGCTTTTCAC TACTTTTTTG AACTCTTTGA TAGCACTtCG TAGCTTTTTA GTAATTTTAT	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTCGTTATT CATGCTTAGA TGTTTGTTGA	1020
	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTTGTCCTG	1080
35	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGTAGTTTAA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTAAGTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AAACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTCACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1170 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5 ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATT T GCTAAAAACC AATTACGTGA 60
 AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT AACTTTAGA 120
 CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAGCAA AAGGTGATAC 180
 10 AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTCAGATA CTGTAATTCA 240
 TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAACTGGGT TGAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC 300
 TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT 360
 15 TTATAATGGA TCTGTTAAAG AAGTTGArGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC 420
 TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA 480
 TTATGTCAA ATTATTAGTG TTCTTTCAA TGGAACAACA AATTTCTTG ACACACCAGC 540
 20 AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG 600
 AGATTTCAAT TATTTTGGAA TTAATATGA TGGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT 660
 25 TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA 720
 CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGGt CCATTACCCA GCTAAGCCCC 780
 AAAAGGTTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT 840
 30 GAAATGAGTT TAGAAGAAK TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATT CGAAAATGAT 900
 TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGTnCCAGAT 960
 TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA 1020
 35 AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA 1080
 AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAAGTGGT ACGTGATTTT TAAATGGAAT 1140
 40 TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT 1170

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 45 (A) LENGTH: 1393 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

50 TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA 60
 55

ATCATTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTTGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTATGTCT 240
 5 TATGACGATA TCATTTTATT TTGTAAAGAA AACAAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAAACA 420
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAAT CATTGAAAAA CTTTGTCTTT 540
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600
 15 CAGaTAAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTGCTTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780
 CATTTATACG TGAACCTATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960
 TGAATTGAC ACAAACTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200
 AAGCTTTGTA TATCAAAACA TATCTTCOGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTTGC 1260
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAGTCATT 1320
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTTAGCT ACATTTAAAG 1380
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1484 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

TTAACTTGAA AGATTTCCCC GACATCTATA ACTTGATATA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

EP 0 786 519 A2

	AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT	180
	CAAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA	240
5	TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA	300
	TATcTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAACGT AAAAAGATTT	360
	TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAAACTCAC GAAATTTTGT	420
10	TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT	480
	TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG	540
	TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA	600
15	GCAGTGGTGT TGTTcATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA	660
	AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG	720
20	ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGCAAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA	780
	ATGACTCAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA	840
	GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA	900
25	CGTGATAATA TCAATGTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTTGA AACAGCTTAA	960
	GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT	1020
	TCTATGAGAA TAGATATTGT TAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA	1080
30	GAAGATTATT TAGTTCATAG TTTAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA	1140
	CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA	1200
	ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAAC TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT	1260
35	TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA	1320
	ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT	1380
	GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAATT AGAATATATC	1440
40	TTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT	1484

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1435 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:

	CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTTG TTTGATTTC TTTTCAGTAT	120
	TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT	180
5	TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG	240
	CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG	300
	ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT	360
10	TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT	420
	TTTGGGCAGG TGAACCTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG	480
15	CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT	540
	CATTAATAGT TACATGCCCG TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGA	600
	AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG	660
20	CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAA TTAGAGAAGTA AACGTACCAA	720
	TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT	780
	CTCCATTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTG GCACCTTGAC	840
25	TGCGAsTTCT TAATTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTTGAAG ATCTATATCG	900
	ATCGTTAATT TCAAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGrTTTA ACACTTCTGA AGATGTAAct	960
	TTACCAGATT TGTCGGTTGT GTATTTcATT TCTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA	1020
30	TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCAATTGC GTGAATATCC TTTGGATAAG	1080
	TAATGTTCTG TCAATTCTTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA	1140
35	CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT	1200
	GGTAATTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTTCACTGAC ATCTTCATTT	1260
	TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTCTT GGCATTcATC TCTCGAAAA TAGCTAAAAC	1320
40	TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTcATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG	1380
	TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC	1435

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 516 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear
- 50

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

AGAAAAAGAT TTAGAAAAGA TTACCATTCTG CGACATAACA ACACGCGCTG ATATCAATAG 120
 AGGGACATTT TACTTACATT ACGAGGATAA ATATATGTTA CTCGCAGATA TGGAAGATGA 180
 5 GTATATTTCA GAACTAACGA CATATACTCA ATTTGATTTG TTACGCGGTT CTTCAATTGA 240
 AGACATTGCG AATACTTTTG TAAATAATAT ACTCAAAAAT ATTTTCCAAC ATATTCATGA 300
 TAATTTAGAG TTTTATCATA CTATTTTACA ATTGGAACGC ACGAGTCAAT TAGAATTGAA 360
 10 AATCAACGAA CATATTAAAA ATAATATGCA ACGTTACATT AGTATCAATC ATTCTATCGG 420
 AGGCGTTCCA GAGaTGtATT TTTACAGTTA CGTTTCCGGA GCAACAATTT CaATTAnnTA 480
 15 AATACTGGGG TAATGGACAA ACAGCCCATT TTCAGT 516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1955 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

AGTACTTTAC CATGAGGTAA GACTTTATTC CCTGCTTTTA TAGATTGTGC TTTTATTTGT 60
 GTGCCAGAAC CAATAGtAct GGTcTAATGA TTTTGCACtC ACATTATCAA TAGCTTTTTG 120
 30 TTTGTCTTGA CCTTCAACAT CTGGCACTTT ACTATACTCT GCATTAGATG TGTCATCTTT 180
 TGATTTACCT ACATTTAAAT ATTTCAAAGT ATTTTCCATT ATTGGTTTAA ACGCTTTACT 240
 AACACCTAAT TCATAAGCTT CTTGGTCATT TTTTGTGCC AAGCTCATA CAGCGTATAC 300
 35 AATAACTTTA GGATTTTCT TCGGCGCGTC ACCCATAAAA CTTACAAAAT ATGGGTTTGG 360
 ACCTTTAACG TATCCACCAC CATTAGGTGC AGCGACTTGT GCTGTACCAG TCTTACCTTC 420
 40 GACCTCATAA CCATCAATAC GATAGTTTGC AGCGTGACTC TTCTTACTAT TCACAACATA 480
 ATCCAATTGC TTTTCAACTT TTTCAGCAGT ATCTTTTGTT ATTGGTTTGC CTGCGATTTG 540
 TTTTGGCCCT TTATAAAATT GTCTTTTACT AACAGGATTT TCAACGCTAT TCACAAACCA 600
 45 TGGTTTAAAC ATATTACCAT CATTAAAGAA CGCTGATTGC GCTTGTAACA TTTGAACAGG 660
 TGTTACTGTT GTCGATTGAC CAAATGATGA CGTTTTTGTG TGCAACTCAT TACTCCATCC 720
 AATTTGaCCA GGTGCTTCTC CATCAAACAT ACCTTTAGTT GaTTTTCCaA ATCCaAATCG 780
 50 TTCATACCAA GATTTCAATT TGTCTGCACC AACTAAATCT TGTAATGCA TCATCAATGT 840
 ATTAGATGAA TAAGTAAATC CGAGTGACAT TGGGATTTCA CCCCAACCGA CTCTATTCCA 900

55

EP 0 786 519 A2

5 AAAAGCACCT TCTTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020
 GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTGCCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080
 10 ATTAAATGTT GGTCGCTGAC TGTATGCTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140
 CGCAAATAAA TCTTTCGGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200
 TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260
 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320
 AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380
 15 AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAATGTC CATTGCGATA 1440
 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500
 TTTGTCCTGA TACGTTAAAT TTGTTCTTTT GCGTCCAAAT TCAATTGGA AAGCTTTCTT 1560
 20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCCTCTGG CTTCATATTA ATGACTGTAG ATAATTCTT 1620
 TGCAGTCTCT TTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTT 1680
 ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACG 1740
 25 ATCATATATC TTTCCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCAATTGC 1800
 CTTCACTACT AAATCTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATTCTTAA 1860
 AACCAATATA AAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920
 30 TTTTTTAATT TTAATTTTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 704 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTCTTTTAA ACGTGTGTTG TGCTTGCTCA TTTCTTGCTC 60
 45 CATTGTAGAC TAAATATATA TAAGCGTTTT CAAATAAGTG CTTTTTAGCA TTTAGTACAC 120
 CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180
 AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240
 50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300
 TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTTCAT 360

55

TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480
 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540
 5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600
 TAGATAAAGG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660
 10 GGTAAATCAA TGAACCAAT ATTAGAAATG ATTAAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGAATAAGCC TATAATACCC TTAAACCTAT 60
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120
 25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTTGTCATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTATTAT 240
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTCAAAA ATATAAATAA CACACTCTTA TCGTTTTCAA 360
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420
 CAAGAATACA TATAAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACACCTTC AAACCACTTC 480
 35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTTAAGATG CGGATATTGC 540
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600
 40 ATACAACCTA CTAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTCTT 660
 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTTCAGTC 720
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCTCTGT AAGTAAAAAA 840
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900
 TAGAAACCAC CTTCAAGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960
 50 TTCATTATTT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020
 CATCGATTAA TTTTCAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 827 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

5	TGATACTTAT TTTTCAATAT TATTTGGAAT AAATCTTnT AATTGTGGTG TGAAATAAAC	60
10	ACCGAAATTC TTTTCAGATT CATCTTTTcC ACTACCTGCA TATAAAATAC CAATCAGTyC	120
15	ATGTTTAGAA TTCAATACAG GAGATCCTGA ATTACCTGGT TGTGCATACG CATCAAATTC	180
20	CATAAACGTT CCACTGATAT GGTTAATCGT TCCTGTCGAT TCAAACATT TATATTTTGT	240
25	TTGTGCACCC TTTGGATAAC CAATAACAGA AATTCTATCT TTCACTTTTG CTCCGTCTGC	300
30	AAATTTTGTA TAACTAACGT TCTTATTAAA ATTCAAACCT TCTGTACTTG TTTTCATGAAC	360
35	ATGAACTATC GCAAGGTCTT CTTTTCCGGG ATATTCTACA ATGTCTTTAA CGTCGTAGTT	420
40	TCCTCCGCCT TTACCTTTAC TCGAATGATG TGCTGATACT CTATTTTTTAA AAATATCATT	480
45	ACTTTTAGCG ATATGTTTGT TAGTTACGAT TGTATTTTTTA CCAACAATA CACCAGTACC	540
50	ACCCACAAAT GCTACCACTG aATTGTATGG TTCTTAGTT GCATCGGTAA TTTCTTTGAC	600
55	ATTCITTTCT GCTTTGGCAA TTGAATGAaG CTGATTAGAA ATATTTTCAG CAAAACCAAG	660
60	AGATGTTAAA ATAGTTAAAG CAGTTAAACC TTTAACCATT ACATTTTTAT TCATATTTTA	720
65	CCTCCTTCCA AATTTATTTT nATAGTTAAT GTATCTAGAT ACACATTTAC TATATACATT	780
70	TTAAATAAAA ATATTnATTA AATATTAATT AACCACCTTAT nAACGTT	827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 796 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

50	nGGnACGTAA AGTATTTATG TTAAATGGCA nAAATATATG AATGATGAGT TACCTGGATT	60
55	ACCAATGTTT CAAGGTAAAT CGATAACTAT TGTTAACGAT AAAGTACGAA ACTTAGACAT	120

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAaaaaaaG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720
 20 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780
 GATGTCACGA TTCAAG 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1618 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAAcAgAaa TTTATGATCA AatGATGTGG ATTGGTTTTTA 60
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTTAGATACA CAGATGGTTC 480
 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTTACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540
 50 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600
 AGAATTACAA GTATTTTTAG CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660
 55 CTTACAaTCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

	ATATGAAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTGCATT ATATTTTCGTA AGTATTGTGA	840
	CTGCAAAATAT TATTGTAAAA AATAATAATT TAATTAAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG	900
5	GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC	960
	TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA	1020
10	GAGATGATAT TTTGCAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC	1080
	TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG	1140
	ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA	1200
15	TTTCGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAAGA CATTGCCCT TCTACTGAGT	1260
	TGCGACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA	1320
	AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA	1380
20	ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG	1440
	TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT	1500
25	GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA	1560
	ACTTTAATAA TTAATAAAT TGGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAAA GTTTTAAA	1618

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2115 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

40	ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG	60
	AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG	120
	AACAGAGTAC GTTAAAATCT GCATTTGCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA	180
45	ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtCA	240
	mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA	300
	ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG	360
50	ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAATA GCTGTGAAAG	420
	ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGTTGAA ATCAAGGGG ATTATCGCAA	480
55	GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAATAA AAATACAGCG	540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTTCGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTT TCTATATCTT 720
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTTA 780
 GGAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTATAGTAA AAATGACAAA AATTGCATGT 840
 ATTATTGaGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGaATA CCTAAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATa 960
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCAATTTGT AAtCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080
 TATCTTTTTA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCACGTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTGTATTA TTAGCTATAG TGGTGAAAAT 1380
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATGCG 1500
 30 ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740
 ATCATTTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT 2040
 AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1003 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5 TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA 60
 ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA 120
 ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA 180
 10 TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA 240
 ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT 300
 TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA 360
 15 ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC 420
 AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTA AAAACAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA 480
 20 ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG 540
 TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTC TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA 600
 CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG 660
 25 GAAAGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAAT TGCGAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC 720
 TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG 780
 AGCGTATGTG CTATTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG 840
 30 ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAAATAACT TTCCCATCAG 900
 TCCAATTTGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG 960
 35 TCCTTTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT 1003

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

40 (A) LENGTH: 1097 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

45 GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATnGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG 60
 50 GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCTCCTTTA 120
 ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG 180
 TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTTAT CGTTAACTAT 240
 55

CTTTGTGCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCACGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420
 5 GCTGTTAAAC TATACACAAG CTTATTTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600
 TCATTATTTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATAACAGAGA GTTTGCTTGG 720
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGaGTAAAA GGATTCGCAC 780
 AGCTTGgAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTTCAATGAA CGCATTAAAT 960
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020
 25 GACAACTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2031 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

40 GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60
 AAGCTTTTTC TTTAATACAA ATAACGTTT CCTAAGTGGA CTTTTTAATT CTTTATTAA 120
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAATC AATTGTACTA ATTTGTCTA TAATTTTTC 180
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAG 240
 TTGCTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300
 CGGTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAA TATTAGATTT 420
 TCGAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTTGTC GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTC TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT 660
 CGGAACACTG ATAGCCAATT TGA CTGCTGTAAT GGATTGCTAA CAGCCTTAAC 720
 5 AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG 780
 TGCTTTAACG ACTTTTTCAA CATTTC AATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA 840
 10 ATTTATAACT TTA CTACTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTTATGTTA 900
 CGTCGGTATA AA CTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC 960
 GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT 1020
 15 TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA 1080
 ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTA 1140
 GGTGGCTTAA CA CTCTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GACGCCAAAA 1200
 20 TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTTACAAT TCATCATTGG ATTTATAGCT 1260
 TGTTATATTG GCTATCATAT TTAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTA AATTAC 1320
 GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTTTAAT TTTCTATGCA ATTTTTTAAGC ACCATATAAT 1380
 25 GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTGTC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT 1440
 CCAA CTAGT CGAAAATAAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT 1500
 30 AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAa 1560
 TGGcTTTCGT TTCCTAGGGT GCCGTCTCAG CCTCGGcTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG 1620
 GAGTCTCGCC ATTAATACTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAAA 1680
 35 TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG 1740
 ATATTTTCGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT 1800
 TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT 1860
 40 ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA 1920
 TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAATCAAA CACCTTCTTA TAAACTATT AATCGTTTTA 1980
 45 GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C 2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 687 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GCGTGTTAA CCGCTACACT 60
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TGCGGGAGGC GGATTTGAAC CACCGACCTT 120
 5 CGGGTTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTTGA ATTTAATTTA 240
 AATGTTATCT CTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360
 AAAACGCTT CTTATCCCT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGKT 420
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540
 GTAGCCCTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCChTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 843 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

35 GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAACTGTTTG 60
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120
 40 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180
 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCAIT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTAAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360
 ACCACATTCT ATAGGTTTCA GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTCAATTT CATCTAGCGG 480
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTCGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCCTC 540
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAAACTTTC AATACCATT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTGA GAACTAATCG 840
 5 TAA 843

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAAG TTTTACATA TTTTCAACAA CTTTATTTCA 60
 20 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGGAAATA CCGATGTTGA TGTCACTGTC GTTTTCGTTG 180
 25 TATTGCTCTT GGAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTTGTA TCTTTTGCAC 240
 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTTAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360
 30 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGATGA AACCATTTTT 420
 CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540
 35 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTTA CCAAATCATT TGTATAAAC 600
 TATAGTAATA TTAATCATTC CCTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720
 40 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60
 55

TGTGGCAATG TGTATTATTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTMTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT 240
 5 AATGGGATTC AATTTATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300
 GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360
 10 ACaTCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTAATATCAT TTACATTGCT 420
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCATTTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660
 CTTTGGTCCA AACTTACACA nTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720
 20 GTTTTATG 728

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 913 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAGACAC 120
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180
 40 CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGAGTGATC 300
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360
 45 GCTGTATTGC TAAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420
 ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTTTCA AAGCTGTTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAAA 540
 50 ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660
 55 TCGATTTATA AAAAAATATA TTTCGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTCCT 720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT TCTTTATTCC 900
 5 CGTAACCTTT GGC 913

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60
 20 TTCCACCCCA TTACTTGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120
 TCTGTAAAT CATTTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAACAATT 180
 ATCGTATTCG TTATTTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240
 25 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300
 GGCGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420
 ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTACAAT TGTATTGAT 540
 35 AGAGTAGCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAC TTCATTATTA 600
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60
 50 AGGnTGTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120
 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTCACCG TATAATACGA TGTCCGGTCG 180
 55

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGTGATGA CACCTAAAGA 360
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaa ATTCATCAA ATAAGCCACC 540
 CATTGaACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600
 AATACGATTC GAACTATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1210 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCnCC CnCCAAATA TCCAAnGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAAACT 60
 ATGGCATTITT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTTA 120
 30 TTTGAAACAT ATTCACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGtTCT AAAAATCTCT 180
 TAATAATTTA TTTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAAACAA 240
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTTGTTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360
 CATTTAATGG ATAATTGCT TCGGTAATTT TAACTTTAC AATTTGACCT ATGAGTGATT 420
 CGTCACCTTC AAATTGTACT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAATAAT GTACCTTCTG 480
 40 TGtCACCCCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATTT TTAATTTCTT 600
 45 CATCAATTTG GTCATCCATT CTGTCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAay TGCCAAGTCT GGTAAAGCTT 780
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT ATACTTACGT CTCATACGTT 840
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTG 900
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960
 55

CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAA CTACTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200
 TTAATGACGC 1210

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 652 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTTcAGGGAC TCAATTAATT ATCACATTCA 120
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180
 25 TTGGTTATTG AATTTCCTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240
 ATTCATTAAA CACTTTTTTA TCATAAAAAA GTGTTTTTGa TAATTCACTa CCaAAAACAC 300
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTCACT 360
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTTCTCCA 420
 AGCTCTTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTC 540
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAAACGAG TCGGTTAACA 600
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 798 base pairs
 45 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

50 ThACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAaTG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60
 TTCATCaTGG GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTGGTA TATTGGCCCa ACACGTTAGT 120

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300
 5 TTAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGTCITT ATCTAACCAA 360
 GTGTTGATAA GTTCATTGTTG TACACCATCT AACAACATTT CACTTTTACT AATTATAAAA 420
 10 CATTCCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480
 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540
 CTTTTAAACT AAAATCATCA TTAATTATGA AAAAAATGA CATCAAAAGC AAAGGTTTTT 600
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTttaa TATATtGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG 660
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACTTTGTt TAATTTTAAG GGACTAATTc AGGGATTGTTG 780
 20 AGATTGCGCCG CTAACAGA 798

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1786 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTCTG ATTATTAATA 180
 TCTTGTGAC CATCAAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATT 240
 40 ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCACCTC ATAATTTtCA 360
 45 TCATtAAAaa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420
 ATAGATTCTA TTTCATCCGG CGTTGCACCT GTTGTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAAACC ATTGTCTTGA 540
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660
 55 AAGTTCTGAT CCAAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720

5 ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCAC CGGCATTGGA 840
 ACCAATTGGA ACGACGCCTG TWTTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT 900
 TTCACTTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT 960
 CCCTAAAAAT AAAACATCCT CTTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC 1020
 10 TAATTCAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC 1080
 AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA 1140
 CACTTTTTC TCTGGTGCTA TACCAAATG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG 1200
 15 AAACCTATT TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAATT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT 1260
 TTCATGTGTT TCTTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTCAT 1320
 GCCAAATTTA ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC 1380
 20 GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA 1440
 AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTAATAAC 1500
 25 TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG 1560
 ATTCACTTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT 1620
 ATTTGAAGTG ATAAAATGTA CTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT 1680
 30 GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTCGCTT 1740
 GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA 1786

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 844 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45 ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC 60
 TTTTGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT 120
 GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTAAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA 180
 50 CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT 240
 GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTATCA 300
 55 CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC 360

TTACATTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTGCA ACATTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGTaTA GGAGCATCAC TATTTTkCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAAGTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660
 10 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720
 TTACTGGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840
 15 TCAT 844

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 574 base pairs
 20 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120
 CAnTAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTAaTCCA CTACTTGACT CACGATTTGT 180
 CACTGTTAAT GATTCAAGTA CTTTTAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAc AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAAGTCTG tGCGCCACCT 420
 40 GTCACTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480
 CCTAAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCAGTT 540
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 523 base pairs
 50 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

55

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTACTCATCA 60
 5 GAAAGTTTTG AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300
 AATACACATT TATTTGTTAA TAAAGTGTAT GGCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAAGTTG aTTTCAAAT TAGACAAACAT 420
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1871 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCTA 180
 35 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCATTATG ATGCAGTTAC GAAACTAGGT GGCATGTTAT 240
 TGCTTATTTT AAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTG 300
 tGCATATGCA CAAATCTTA TGTGTTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360
 40 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTAAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480
 45 AAAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660
 50 TATTtAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTcAG GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTtTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140
 10 ATATAAGAAT TGTACAACTT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260
 TGCAAATACA GCGGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320
 15 GCTTGATTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCCTCT AGCAGTAATG GGCGATAAGA TAACATTAGG 1440
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAATGAT GTAAAGATTA 1620
 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680
 25 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860
 AAGTAGTTnA A 1871

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

45 TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180
 50 CAGAAGAACA TCAAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCATGACAG TGTATGATCA TTTGAATTA CCCAATCTAA 300
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGcAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGAAAA 360

ATTAGGGGGT GtTnGtKtN ATTTTTTTAA n

451

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 665 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT	60
AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAA TAATGAAGTT	120
GTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAC AATATTTGAT	180
GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTAATA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA	240
TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTTCA CTTTGCCTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA	300
aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA	360
AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA	420
GATGCGCCAA AACCATATAT AAAAATCGTC TCAGAACGTT TTAACAATG ACATATTTGA	480
TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA	540
TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT	600
GATGATGCTT TAGGAACATA TTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA	660
GTAAT	665

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 2549 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA	60
AGAAAAAACA AATCGTCGTG TTACTTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA	120
ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AWTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTAACTT	180
AATTCctGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT	240

EP 0 786 519 A2

	TTCCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCyCGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTGCGTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTACTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTAAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTTTATT AAGCGATTAA ATTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGGCGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
	ATACTTAACA TTAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
30	ACATTAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGAA TTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGTAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
	GTACCTTTGA AAAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040

55

EP 0 786 519 A2

	AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC	2160
	TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA	2220
5	TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG	2280
	AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAGT TATAGTGATA	2340
	AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG	2400
10	GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTTAAAATG CCAAATGTCA	2460
	TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA	2520
15	CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG	2549

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
20	(A) LENGTH: 2286 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

25 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

	TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA	60
	TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA	120
30	TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACCAAT TCGAATATCT CTGTCATGAA	180
	TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT	240
35	CTAAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA	300
	ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT	360
	GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTTGATCTA AATCATTAAAC CTTAATAACA ATCCCATCAA	420
40	TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTC AATATACTCT AAAACACCAT	480
	CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTAT TCGTTGTAAA ACCTAATTTA TCTAACTCAT	540
	CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA	600
45	ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG	660
	CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTCT TCATTTAATC	720
50	GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtTCTT	780
	TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG	840
55	TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG	900

EP 0 786 519 A2

GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020
 TGTCATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140
 TGTCATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200
 10 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260
 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTTCT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380
 15 AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTCG 1440
 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTTGCCTTA GGTTGTATCG 1500
 TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTG TGGAATTCC TTTAAAAATC 1560
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCAATT 1680
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740
 25 TTATAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTAATAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA 1860
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC 1980
 GATAGCCAGA CTTTTGTAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT 2040
 35 CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTTGTC ACCTTTTTTG 2100
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160
 CATAGTTTTG AACTTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTTGGA ACATTaATAA 2220
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280
 CTTTGA 2286

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 400 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC 120
 AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT 180
 5- GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG 240
 ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTTGGG 300
 GGCTTATGCC nTTAAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA 360
 10 TtATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 453 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

AATAATTTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG 60
 25 TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC 120
 ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA 180
 AATTCTTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTCG TCATCGATTG GTTTAATGG AATCATTTTA 240
 30 TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT 300
 TCAACAACCT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT 360
 35 AAAACTGCTC CTCTGATTG CAGATTTTCT CCTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA 420
 ATTAGcCAAG TACCTTTATC ATCTtTTTA AAT 453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1221 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG 60
 50 CTCaATTAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTGCTT ATCTAATTCT 120
 GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTTCTTTG CCATCATTTG ATCAGGACGA 180

EP 0 786 519 A2

	GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT	300
	GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG	360
5	AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA	420
	CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTT AATGTTTCGG GTGTTTTTACC TTCAAGGTTT	480
10	AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC	540
	TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT	600
	GGCAGGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA	660
15	CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA	720
	TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA	780
	ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA	840
20	ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTGG GAAATAATGA	900
	CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT	960
	TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTTA AGTGCGGTAT	1020
25	ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCmATAATTT	1080
	CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT	1140
30	TrCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT	1200
	TTCCCATTCG ACTGCATAAC T	1221

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

35	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1121 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

	TGGCCCAaNT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA	60
45	CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC	120
	TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA	180
50	ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT	240
	TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATTGTGTTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA	300
	AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTCTAGCT AAAGAAAGTG	360

55

EP 0 786 519 A2

TTACTGACCA AAATTTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480
 GATTTTAAAA TAATGTCGCA AAGCCAAGCA CTATCCCAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540
 5 GTACAATCAT TGCACTACCG AAACGCTTTA TCGCATTTCAT CTTCTATTCC CTCCATATCA 600
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTC ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780
 GTTGTATTTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840
 TATATAATGA CATACAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900
 AGGTTGAATA TGTTTTAGA TGAACACATT AATCGAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960
 GATTTACATA TCGCTCACTT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAA 1080
 TnAGGTTTTG ACGGTnATAG TGGATTTAAA TCGTACCTTA A 1121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 4005 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCGTCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60
 35 TCGCTCTTAA AACCATGAAA TTTAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120
 CGATATTCTG ACAAACCATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTTGA TGTTTAATTT GTTTATTTTC AACGAGGCGA 240
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420
 ACTGTTTTAT AAAAATTTT TATACCATT CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480
 ACAACAATA CTGGAATACT TTGATTTAAT CCCGCTATAA CATTTCTTAA TTCATGAGGA 540
 50 CGATCTAATA TGATTGATC ATTATTTTTA CATAATTGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

	TAGTAATTTT	CGAGTACAAT	CCGTTGTCCT	TCACCTAAAA	TCGAGAACA	ACTTAAAAAG	780
	CCTCTTCCAT	CATACAATTC	GCGTTTTACT	TTTCTTCTTT	TATGATCAAA	ATAATTCACA	840
5	TAATTTAATT	GATGATACTG	TTTATCTAAA	AAATGAGCAT	ACATTACAAA	TTGCTCTTCA	900
	TCATATATTC	TGACATCATT	TGAATTTTCC	ACAAATTTCA	ATGTGTACCT	ACATGACTTT	960
10	TCCCAATACT	GTATCCAGTT	AACTTGCTTT	GTCTTTTTAT	AATTGATTGC	TTTTTGAAAA	1020
	TAGTCATACA	TTGTAAATAC	ATCATTTTCA	ATCTGATGTT	GCTTCGCATA	TGTGTATGAA	1080
	TAAGGATTCC	ATTTAACATA	TACACATTTT	GAAGATATGC	CGTGTGTGTT	GAACAACTTC	1140
15	AATCTATTTA	TTTGCGCTTT	TTCTACACCT	GTAATTTTAC	TTTCTAAAAT	TGTTCCCTAAA	1200
	ATGTAATTCA	TATTATCGCC	TCATATAAGT	TTTATTCCGT	ATCTTTATTG	TTTATTTTAT	1260
	ATGAAAAATA	CATCTATTGC	ATGTGTAATT	ATAAAAAAAC	CAGGCCACAA	GGACCTGGGT	1320
20	CATATTGTAT	TATTTGTTTT	GTTTTTTGCG	ACGACCGAAT	AACAATAATG	AACCTAATGC	1380
	TGCAAATAAT	CCACCAAATA	ACGTTGCGTT	ATTTGAGCCG	TTATTTTCAC	TACCTGTTTC	1440
	TGTAATGCT	TTTGCTTTAT	TGTGATGGTC	TTTAGTAGTA	CTCATTGGTT	TAACAGGTGT	1500
25	ATGTTTTCCCT	GCATCCGAGT	CTGAATCGCT	GTCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	1560
	ATCAGAGTCT	GAGTCGCTGT	CCGAATCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1620
30	ATCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	ATCTGAGTCT	GAATCGCTGT	CTGAATCTGA	1680
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAGT	CCGAATCGCT	1740
	ATCTGAATCT	GAGTCGCTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	1800
35	GTCCGAATCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	GTCTGAGTCT	GAATCGCTAT	CTGAATCTGA	1860
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCCGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	1920
	GTCTGAATCT	GAATCACTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTGTCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1980
40	GTCACATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	TGTATCTTCT	TCGAAGTATC	CGTTATCAAG	2040
	TGTGAAATCA	TCATGATCCG	TAATTGTTAC	GTCAACTTCG	CCACCATCTG	CATCTTTATC	2100
45	ATCTTCAGTT	GTATTTGTAA	CTGTTTGTGT	TAAGCCAGCA	GGCTTTTCAA	AAATAACTTT	2160
	GTATTTACCG	CTATCTAAAT	TATCAAAGCA	GTATTTACCA	TTTTCATCTG	TTTTAGTTGT	2220
	TCCAATTACT	TCGCCITTTT	CATTTAATAA	AGTAACTTTA	ACATCTTTGA	TACCTTTTTTC	2280
50	AGTTGAATCT	TGTTTGCCGT	CTTTATTACT	GTCGTACCAA	ACATAATCAC	CTAAACTATA	2340
	TTTTGGTGT	TTATAGAAAC	CACTGTCTAA	TGTCATGTTA	TCTGCATCTT	TAATGACACC	2400
55	TGTTGTTGTT	AAACCATTAG	AATCTTTTTTC	AGTATCATTT	CCAGAAGTTA	CTGAAGTTGG	2460

EP 0 786 519 A2

	TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTITTTAAA ACTTTGTGCT TTTCATCTTT	2580
	TAACGTAAGT GTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT	2640
5	TGTATCTTCC CATAACATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT	2700
	AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTGTGTGAT GTACCATTG AATCTATACC	2760
10	TTCATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTTGG TGTGTAACCT GATGGTGTTT CGAATTCAAC	2820
	TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT	2880
	TGTTTGTAAC ACTTCACCGT TTTCATTTTT CAATGTAAGT GTTACGCCTG AAATACCTTT	2940
15	TTCAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CATAACATAAT TACCTAAATT	3000
	ATATTTTGGT GTTTTGTAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTATAAAC	3060
	ACCTGTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTACTGTAGT	3120
20	CGGTGTATAG CTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT	3180
	AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT	3240
	TTTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTTGGAT ACCATTTTTA	3300
25	TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT	3360
	GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGA ATAACTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT	3420
30	TCTTCGTTAT TACCTTGTTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTGGGTAA GTTTGAAAAT	3480
	TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA	3540
	ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA	3600
35	ACGCCTTTTT CTCCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA	3660
	CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA	3720
	TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTG AACAAAGTGT	3780
40	GGGCTTTTCG TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT	3840
	GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTGCGCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT	3900
	TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA	3960
45	CCTTTAGGAA CTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT	4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1440 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

5	TATTAGGTGA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA	60
	AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG	120
	AAAACCTTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA ACACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC	180
10	AACTTCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC	240
	AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC	300
	CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG	360
15	CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTTCA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAATCA	420
	CAACTCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC	480
	TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG	540
20	ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTAAATTAAA CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA	600
	TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTATT CTAATAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT	660
	ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTTCA CATCTGCTTA TAATGGTTTT	720
25	TCATGGTTTG CATTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAAT GGAATTCAT	780
	TACGGTACGA TTAAAAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTTAGC	840
	AAAATCATCA CATTATTTAT TATTTCTTTA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA	900
30	ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA	960
	TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTTGTTGG CGTTTGGTTA	1020
35	GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT	1080
	GTAGGTATTG TTTTTATTT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACTTTTA	1140
	GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA	1200
40	GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAACTTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT	1260
	ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTTCAAGAA GAAAAATATT	1320
	TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT	1380
45	TTTCAAATCC CTTCAACCAA ATAATGGTGC GGGGATTTTT TCATCCAAAT TTTGGAAATT	1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

50	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
	(A) LENGTH: 1323 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 633:

5 GCTGACATAA TTGCATCAAA TTTCACATCC CCATAAAAAT CGCTACCACA TAACCTACGA 60
 TAATACCTAC AAGAAGCTGGA ATTAAAGATA GGAATCCTTT AAAAAATCCT TGAACGACTA 120
 TTGTTACAAG CAAGGTTATC ATTGCAACAA TTAAGAACT GATATTGTAA CCTTTCATAT 180
 10 CTCCAGGATT TTCATACATT GCCATATTGA CTGCAGTAGG CGCTAAGCTT AAACCAATTA 240
 CCATGATGAC TGGTCCAACA ACAACTGGTG GTAATAATTT CATTAAACCAT GCTGTCCCAC 300
 TTAATTTGAT TAGAATCCCG ATGATGACGT ACATAACACC ACTCATGaAT AATGCTACAA 360
 15 GCATGTCTCC TAAGCTATGC GTACTTAATC CCGTGATAAT TGGCGTGATA AATGCAAAGC 420
 TAGATCCCAA GTATGCTGGT ATTTGCGCCT TCGTTATTAA GATATAAAGT AATGTACCGA 480
 TTCCCGAAGC TAGTAACGCT GCTGATATTG GTAGTCCTGT TAAGAATGGT ACTAGTACTG 540
 20 TTGCGCCAAA CATCGCAAAT AAATGTTGTA AGCTTAAAAA TGCCCATTCG GCTGGTTGTG 600
 GTTTTTCATT TACATCTAGT ACGGGTTTTA CTGTTCTGTC AACATTTCA TCATTTTGCA 660
 TAATATTCAT TTCCTCCGAT AATAAAAAAA TCTCTTACA TCAGTATATG TAAAGAGACA 720
 25 AAAAGTGTGA CAAGTTGCTA CAAGTCATTT TCGTCCATAG AAATTGACTT ATAGTTGTCTG 780
 AACATGAGGG TATTATTAGA TAAACAAGCA TATGAAACT TATTTATCAT TCAACTCCCC 840
 CACCTTTTTC AGTCTCTCGT ACTGAATTAA AAGGGGtATT ATTTAATTAT AACTGCATT 900
 30 CTTTGATCca TTtCTTCyAA ATAGACACTT ACCGTTTCCT CTTTAGAAGT AGGTAWATTT 960
 TTACCAACAA AATCTGCTCG AATTGGTAAC TCACGATGTC CTCGATCAAC CAAAGCAGCT 1020
 35 AAACCAATTT TAATAGGTCT AGCATTTAGC AAAATAGCAT CAAGTGAAGC ACGAACCGTT 1080
 CGACCAAGTAT ACAGCACATC GTCAATAATG ATGACTACTT TATCTGTAAT ATCTGTGTCG 1140
 ATGTCTATTG CGTCTTTTGT CGTAAGTGAT GACATGTGct CTATATCATC TCTAAAGTAT 1200
 40 GTAATATCAA TTGTCCAGT AGGTATACGT TGTGCTCAA TTTGATGAAT TTtATCTTGT 1260
 ATACGATTCTG CTAAATATTC ACCTCTTGtn TTGATACCTA AAAGATTAAA TTATCAGTAC 1320
 CTT 1323

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 634:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 761 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

ACCCATCTCA TCGTATTTTG AATTAAATAG ACGAGATCGA TGTATATCTG AATTCATCCC 60
 AACTATGGAT TAATGTTGGT ACATCATtAA cGCATAACCA ACATTTTGAG CAGTTGTTTT 120
 5 ATAAGTAACG TGATTTTTAT CTAATTGCCC TCTTAATGCG TCCTCTGTAA ATTCAACACT 180
 ATCAGAACCA TTAGAGGTCG CTTCATATAA GTTATTAGAT GCAATATGTG CTAAATCGCT 240
 ATTGATTTTC AATGGTTTTA ATCCTTTTAA TTTTCTCATT TCATTCTGTA CTTCATAAAG 300
 10 AGAAATTAAT TGATTTGGAT TTTGCTCAAC TGGACGCTTA TTATGCTCTT CTGACGTAGA 360
 ATTAGAATTT AATTGATAAG GTTCAATATC TGCTAACATT TCTTTTGTTA AAAATCGTAC 420
 ACTTAGCACC TTTTTCGATT GTTGATCAGA ATACACTTGT GCATATATGT CGCCATATTT 480
 15 AATCaGTGTT TGTGTTTTTA AATCTTCATC TGAAAGTTCA AATTCATATT TTTTACCATC 540
 AACTTTAAAG GACGGTTCCTG GATTAATACT TGTATGATTA AAAATTTCTG CAGAATGTTG 600
 20 TCCTATTTTT AACGGACTAA CATTGACTTT CTCACCTGTA GCATACACTG AAACGATTTT 660
 TTCACGTTTA GTTGAAACAA TGTAATAACT GTTTTTGTCT TTAAACACAT AATTTTTGTA 720
 rCCATCTCTA AAAGGGTAGA CrCGATCTGC TTGTCCAAAT T 761

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 635:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 827 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 30 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 635:

nTAAATATAT TTATATATTA TAGAATAGAA AGACCTGAAG ATTGAATATC TTTGCAAAG 60
 CCTTTAACTG TATCTACTGA TAATTCGTTA ATATCGCGAC CTAAGTTTGT ATTCACTTTT 120
 40 TTCACAACAT CTGCTGGGCA TGTAATAATA TCTGCACCAA TTTATCAGC TTGAATCACA 180
 TTGAATAAATT CGCGGCAACT TGCCATAAT AATTTAACGC CGTCTTTACT ATGCGTAACT 240
 TtnACAGCCT CtkTCATTAA TGGTaATGGA TCTACGCCTG TatCTGCAAT ACGTCCTGCA 300
 45 AATACTGAAA CATATGTTGG CACACCTTCA GTTACTGCTT CAGTTATTTT TTTAACTTGT 360
 TCAATTGTGT AAACAGCCGT AACGTTTAAT CTCACATTGT CAGCTGAAAG TTTTTTAATT 420
 AAAGGAATCG TTGATTCACC TTTGTATTT ACAATAGGAA TTTTAACAAA TACATTTTCG 480
 50 CCATATTGTT TTAAAATTGC TGCTTCTTTk TCCATAGTTT CTAAATCGTC TGCAAATACT 540
 TCAAATGAra TTGAAGCATC TGGAATTTCT TTCACAGCTT CTTCAGCAAA AGCTTTGTAA 600

55

TTTTTATAAG CTGCTTTCAT TnCTTCAATA TCTGCACCGk CCGCAAATAC TTCTACATTT 720
 AGTTTAGCCA TATAAyATAG CCTCCTTGAT TCTTATTAAA ATTTTAACAA CATCTGCATG 780
 5 kCTTTTCTT ACAACCATT GTAAAAAATG ATTTTATTT CTTtGTT 827

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 636:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1478 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 636:

TTAGTCGGTA TAACCATCGG CTAGGTGGTT TTTGTATTAA AAAAGTGGAT aCCAAAATTT 60
 20 ATTAATAATT ATTTTAATGT TAGAAAAAAA CTAAATAAAA ACTCGCTAAT GATATCCAAT 120
 AATATGTATA CAAAACGAGA CATATATTGC ATATGATTAA CGAGATACTG AAAATATTTT 180
 ATCACCCCTA AAATGATTAT TCATTTTCAG CGGTAATTCG ACCTAAAGTC AAACCTACAA 240
 25 TAAAACCGAT GATAAATACT ACTAATGAAA CGAACCACAT CACGATATTA GTTGGTAAAC 300
 CTGGAAATAC TGCAAAGAGG GAGCCAACAA CAAAACCAAT GATTAATGCA AAAGTCATTA 360
 GTTTATGATG TGTTAGGAAA TACTGGATAA TTTTGCTTGA AATAATGAAT CCAGCAAGCA 420
 30 CGCCAAATCC GACTGCAAGT AATATAGGAA GACCTGCAAA GTTAAGTTTA ACAACTTCAG 480
 ATATTGCTAG CATGACCGTA CCATAGACGC CAAATACTAA TAACATAAAT GACCCTGAAA 540
 TACCTGGGAG TAACATAGCA CTAGATGCAC ACATACCTGC AATAAAATAT TTAATAATAA 600
 35 GACTAGTTGA TAGAGTAAGT GTTTCTCCAG CATGTTTATC ACCATTATTC ATTAATGTAA 660
 TAACAATTAA GATAGCGATA CCAGCTATAA CCATCATGTA ATGTyTAGTT GTAAATGACG 720
 40 TTTTATAGTT AGAAATTTTC AATAAATATG GAACGATACC AATGATTAAT CCACCAAAGA 780
 AAAACATAGT TGAATATGG TGTTGGCTTA ATAAATAATT AAAAAGATTA CTTAGTGATC 840
 CCATTGCCAG TAACATTCCA ATTATAATGG GGATTAAAAA TGTAAACTT GGCCAAAAAC 900
 45 GTCGTGAGAA TATGCCGCTA ATTGAAGCGA TAAATTGATT GTAAATACCT AACAATAATG 960
 CGATAGTCCC ACCGCTAACA CCAGGTACCA AGTCACTCGT TCCCATAGCA AAACCTTTTA 1020
 GAATATTAAT CCATTTAAAT TGTTGCATGA ATAACCTCCT TCAAACGATT GGAATAAAAT 1080
 50 CATAAATAGC ATCATACCAT ATTACAAATG TCCTAGTGAA ATGATAACAT ATTTTAAATT 1140
 CATAAAATCC ATTGAGAAAT TATGTGCACT TATTATCATT TATATTTTIA AAGAGAGCGG 1200

AGGTATAAGT AAGTTATAAT TAACTGAACG CATTATTACA AAGTCTTTTT GACTACAAAT 1320
TAAAATTATT ATAACTAGT TAAGAAACT TTATATTTTA CGGAGGGAAT ATAAAATGGC 1380
5 ATCAACATTA GAAATyAAAG ACCTACATGT GTCTATTGAG GATAAAGAAA TCTTAAAAGG 1440
TGTTAACCTG ACAATTAACA CTGATGAAAT ACATGCGA 1478

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 637:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1995 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
15 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 637:

20 ATTACAGCAT CTTCTCTAGG TAGATTATTA AAAGATAGAG GTCTAAATGT AACAAATCAA 60
AAATTCGATC CATACTTAAA TGTGACCCA GGTACAATGA GTCCTTATCA ACATGGTGAA 120
GTATTCGTAA nGGATGATGG TGCAGAACT GACCTAGACT TAGGACATTA CGAAAGATTT 180
25 ATTGATATTA ATTTAAACAA GTTTTCAAAT GTGACAGCCG GTAAAGTGTA TTCACACGTA 240
TTGAAAAAAG AACGTCGTGG TGATTACTTA GGCAGAACAG TTCAAGTTAT TCCGCATATT 300
ACAAATGAAA TTAAAGAACG TTTATTACTT GCAGGGGAAA GTACGAATGC AGACGTTGTT 360
30 ATCACTGAAA TTGGCGGTAC AACAGGTGAT ATTGAGTCAT TACCGTTTAT TGAAGCGATT 420
CGTCAAATTC GTAGCGATTT AGGTAGAGAA AATGTTATGT ATGTTCACTG TACATTACTG 480
CCTTATATTA AAGCTGCTGG AGAAATGAAA ACGAAGCCAA CACAACATAG TGTTAAAGAA 540
35 TTACGAGGCT TAGGTATTCA ACCAGACTTA ATCGTTGTAA GAACTGAATA TGAAATGACA 600
CAAGATTTAA AAGATAAAAT TGCATTATTC TGTGACATTA ATAAAGAAAG TGTATTGAA 660
40 TGTCGTGATG CAGACTCTTT ATACGAAATT CCATTACAAT TAAGCCAACA AAATATGGAT 720
GATATCGTTA TTAAACGTTT ACAATTAAAC GCGAAATATG AAACACAGCT TGATGAATGG 780
AAACAGTTGT TAGATATCGT TAATAATTTA GATGGTAAAA TTACAATTGG TTTAGTAGGT 840
45 AAATATGTTA GCTTACAAGA TGCATATTTA TCAGTTGTTG AATCATTGAA ACATGCTGGA 900
TATCCTTTTG CCAAGATAT TGACATTAGA TGGATTGATT CAAGTGAAGT AACAGATGAA 960
AATGCAGCCG AATACCTTGC AGATGTCGAC GGTATTTTAG TACCAGGTGG ATTTGGTTTC 1020
50 CGTGCAAGTG AAGGTAAAT TAGTGCAATT AAGTATGCTA GAGAAAACAA TGTACCATTC 1080
TTTGGTATTT GTTTAGGAAT GCAACTTGCA ACAGTTGAAT TTTCAAGAAA CGTATTAGGC 1140

TTACCAGAAC AAAAAGATAT CGAAGATTTA GGTGGTACAT TACGCTTAGG CTTATATTCA 1260
 TGTTC AATTA AAGAAGGCAC ATTGGCACAA GATGTTTATG GTAAAGCGGA AATTGAAGAA 1320
 5 AGACATCGTC ATCGTTATGA ATTTAATAAT GACTATAGAG AACAATTAGA AGCAAATGGT 1380
 ATGGTGATTT CTGGTACAAG tCCAGATGGA CGTTTAGTAG AAATGGTAGA GATTCCGACA 1440
 AATGtTTCTT TATTGCTTGT CAATTCCACC CAGAATTCTT ATCTAGACCA AATCGTCCGC 1500
 10 ACCCGATTTT TAAATCATTT ATTGAAGCTT CATTAAAATA TCAACAAAAT AAATAAATTT 1560
 GCTAATAAAA CCGGTACTTT CATTGTAAA CATTGAAAGT ACCGGTTnT CGTATAATTT 1620
 15 TAATATTATG TTAGTGACAA GGTATGAAAT AACAATAGTG ACTTTTATAA TTCTAAGTCT 1680
 CTTGTCATTT CAATCATTTG TGTATAAATG TCATAGTATA CATAATTCAA TGCCATCGCA 1740
 TGTGGTyGGA CAATCTTATC GTAATCTTCA GTGTAGACTA TAGGTtTTGG TGTAGATAAA 1800
 20 TCGATAAAAT GTACGAGATG ATCAGGGAAA TCATCTGTTT TAGGTTTGTT GCTTATTAAAG 1860
 ACCACATCGA TATCTAAGTC GATAAGTTTT TGAATATCTA ATGCAACTTG ATyATTATAA 1920
 AATGGTGCGA ATAATAATAC ACGATCAGTT GAGTCAATTT CTTTAAwkTC TTTAATAGCG 1980
 25 TaAGTTnCG GCTAG 1995

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 638:

30 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1107 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

35

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 638:

ATTAGTGATG AAAGTCAGAT TGAAGCTTTA TTAACAGCTG AAAAATATTC AGAAATGATT 60
 40 GGTGAATAAT CACCGTGTA CTCCTTAATC TAAGATTGAG GAGTTTATTT TTAGTCTGAG 120
 AAAATAAATG ATATGAAAGA AAAATTATTA GGTACTATTA TTTGGAGTAT TGCTACATTT 180
 45 TATTATTCAA GAATGATGGA AATAATGAAT TTAGCTATTT TAAAAATAAA AATTGGGGGA 240
 AGTTAATATG CTAAACATTC AAGACGTTAn CATnCTTTCT AAAAAGGAGC AAAAAGCATA 300
 TAACCGTTTC GTAGAATCTG TAGAAAACGG TAATTTACCA GTACTACCAT GTATTGAAAT 360
 50 GGATCTAAAA GAGATGCAAG AAGAAACATT AAACCAGAGT AAGATTGGTG GAATGCCATT 420
 TTTAAATCT TTTAAAGATA TACCATTAGA TGAAAATAAT GTACCAATGG TATTGCTAGC 480
 ACAGATTAAT TTGGATGATC TTCCAGAACA ACAAGAATTA TTTCTGTAA AAGAAGGGAT 540

55

EP 0 786 519 A2

	AAACAATATA AACTCAAGGC TTGTTTATAT AAAAGAGCCA ATTACAGATT TATCACTCGA	660
	AAATATTCAA GCGCATTGGA AGTCATTAGA TGCTGATAAT GAGGATATCC CGTTCAGTGG	720
5	AGCATTCTTCT ATAGAATTGA GATTGTCGAA ACAAACCTATT ACATGTACTG ATTATAAGTA	780
	CGATGAGGAC GTGCTTGCAAT TGTGGAATAA AGTCAATCCA TCCTTCGCGC TAAATCAAT	840
	GTTTGGTGGT TATGATGAAT TGATGGAACC TGTGTGTAmC AywTTTACTG CTAAGgAACC	900
10	ATTTAATCAA CTTGGTGGTT ATCCATATTT TGACCAAATA GATCCAAGAA CGAACGATCa	960
	AGAACTGAAA ATGTATGATA GAGTCTTACT GCAAATTGat TCTACAAGAG ATGGTAATTC	1020
	TTCGATTATA TGGGGTGaTT TAGGTATTGc CAATATCtTA GTGaAATCTA CTGrACCTTG	1080
15	aGGcTAtGaa GTTTTGAATG ATTACCT	1107

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 639:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 904 base pairs
 - (B) TYPE: nucleic acid
 - (C) STRANDEDNESS: double
 - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 639:

	ATTCATATTA TTATAATTA TTTCTACACC ATCCCAATTG AGTTGTTTTT CATAATTTAA	60
30	ATGTAATTCC ACTAACTCCC TACCAATTTT AACAAATCCA TATACATCCT TTAATATCGG	120
	TATTCGCGGA AAACCTTTAC TCAAATCACT TGAATATTTG TTCACATAAT ATTTATGATG	180
35	CAAAATTGCA TATATATAAT ATACTATCTC TTCTGAATTA AGATTTATTT TCTTTTTAAA	240
	AGAATTAGgA AATATTATCT ACArgCCTCA AACTATCTTT ACCTTTGtAT GTAGCAAAGC	300
	CTTkGCCATT ACCAATAAAc TGGAAATTAG GTAATATGTC CGTGATCATA GCCGAGAATT	360
40	CTTTATTTCAT TCCCTGTCCT TGTATATAAA TCACCTGTCC AGTATTCTCC ATTATATTAT	420
	AATATCTACT TGGCATTTC ATAATATTTT TGTCGTACAC TATCCATTTT TTTGTAAATG	480
	GTCTATGCAT AAATTTAACA ATTCTCTCTG GATTAATTGA AATATTTTTT CCTTTAGAAA	540
45	ATTTTTGGGT AAGTCCTCGT GTCCAACtaA TaAATGTTTC ATCTTTGTTC ACTAAATTTA	600
	TACGTTCTCT TGAATCTAAG ATATCAATTA ATCTATCTAT TTCAGAATTA TAGTTATCTA	660
50	CAAGTAATTT TgCATTTACT AATGCTTTTT CATTCGAAAA ATTTGTTACC CAATTATCTC	720
	TTGCTGaATT TACTCCATTA AATkgakCTA AATATATAGA ATTTTCAATA TCCTTGGAAT	780
	CATACATTGG TAAATAATTC CCCATAGTTT ATGTCTCGGT GATTAATCCA ATCATTGGGG	840

AAAG

904

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 640:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 436 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 640:

15	CGATGTCTTT ACTATTAGAC TTAGCCATTG GTTTCACCTC TCCAAAAATT GTAAATGTGT	60
	ATCATCAATA TGAAAGTTAC ATAAACTGA CATATTTCTT TAAATATCA ACGCCATTGA	120
	TAACTTCCTG TTTAATTGA TACGCTGTAA CAAATACTA TAGTTAGTGC TTACATGTAT	180
20	ATGTTAAAGC AAGCAGTGGT AAATGTAAAT TATAATTATT CATTAACTTT GCAATATATT	240
	AAATCTTTTA TTCATAGAAG ATAAATATCA AATCAATCAT AATTATTTGA CAACAAATAG	300
	CTAACGATTG TTTAATCTA CATTGGCTT ATAGCATTTT AAACCTATAC TCTATTTTGA	360
25	TACAATATAA GTGTAAATC AATCATAAAA AGGATATTCA ATATCTGCAT CCAAGAAAAA	420
	CATTACAATT ACCTTT	436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 641:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 442 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 641:

40	GTTATTAAAT TCAGAGTGGT AGCAAATTAA AGTTAATCAA GAGTTAAGAT GAATTTAATT	60
	CATGAACACG TCTATTATTT TTATAATTGT AGCAAATAAA GCTTTACATC AAGGAGGTAA	120
	TTAAATATGT TCAAAAAATA TGACTCAAAA AATTCAATCG TATTAAAATC TATTCTATCG	180
45	CTAGGTATCA TCTATGGGGG AACATTTGGA ATATATCCAA AAGCAGACGC GTCAACACAA	240
	AATTCCTCAA GTGTACAAGA TAAACAATTA CAAAAAGTTG AAGAAGTACC AAATAATTCA	300
50	GAAAAAGCTT TGGTTAAAAA ACTTTACGAT AGATACAGCA AGGATACAAT AAATGGAAAA	360
	TCTAATAAAT CTAGGAATTG GGTATTATCA GAGAGACCTT TAAATGAAAA CCAAGTTCGT	420
	ATACATTTAG AAGGAACATA CA	442

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 2472 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 642:

10	CCAATTTTGG TATGAATTAT ACAGATAATT CnGCGCCCGG AGGATCATT T GCTTATTTAA	60
	ATCAATTCGG TGTGGATAAA TGGATGAATG AAGGGTATAT GGCATAAGGA GAACATTTTA	120
15	ACTACTGCCA ATAACGGAAG ATATATTTAT CAAGCTGGAA CTTCATTAGC CACACCTAAA	180
	GTTTCGGGAG CACTAGCTTT AATCATTGAT AAATATCATC TTGAAAAACA TCCAGATAAA	240
	GCGATTGAAT TGTTATATCA GCATGGGACA TCTAAGAATA ATAAACCATT TAGTAGATAT	300
20	GGGCATGGTG AGCTTGATGT GTATAAGCA TTAAATGTAG CAAATCAAAA AGCAAGTTAA	360
	TAAATCAAAG GAGTTTTTGA TTATGGCAAA ATTAGTTACT GAAAACATT CGAAGCGGTT	420
	TAAAAATCAA GATGTATTAA AGCATATTAA TATCACTTTA GAAAATAACG AAGTTTATGG	480
25	ATTACTTGGT ATTAATGGAG CCGGTAAAC GACACTTATG AAAATTATAT GTGGCATACT	540
	TCAACAAGAT TCAGGGGAAA TTAAATTAGA TAATAGACCA ATGACACGAA ATGATTTGCA	600
	CAAAGTTGGT TCGCTTATTG AAACACCTGC GACATATAAT CATTTAAGTG CACAAGATAA	660
30	TTTGAAAATT GTGTGTTTAA ATGAAAGCGT TGATTTCaGC GAAATTAATA GTGTTTTAAG	720
	CTTAGTCAAT TTAAATGTCG ATAAAAAGAA AAAGGTTAAG GACTTTTCTT TAGGTATGAA	780
35	ACAAAGACTT GGAATTGCAA TGGCaTTAAT TAAAAaGCCA GAAATTTTAG TATTAGACGA	840
	ACCATCTAAT GGTTTAGACC CATATGGAAT CCAAGAACTT AGAGAACTTC TAAAATTATT	900
	AACAGAACAA GGTACTAGTA TTATTATTTT AAGTCACATT TTATCTGAAA TCCAAGTTTT	960
40	AGCAGATCAT ATCGGTATTA TTCATGAGGG TGAGCTAAAA TATCAGCAA GAAATAACAA	1020
	AGATGAAAAC TTAGAAGAGA TATTCTTCAA AATAACGAAA GGTGATTACA AATGATACAT	1080
	TTAAAGATaG AAGGTATCAA ATTTAAAAAT TCTTTCAGTA TGTATGTTTT ATTAATAAGT	1140
45	CcGcTGGTAT TTCTTTGTTT TGCTATTTTC ACAGTCTTAT TCGCCAAAAG TAATACGGGA	1200
	ACAGCGAATA GTGTGTCACC ATATATAACT TTAATTTTA ATATTTGGCC AATTGCTTTC	1260
	ATCCCGATTG TATTATGTAT GGCTTGTAAT TCGTTATTTA AAATTGAAAT GAGAAATAAA	1320
50	TCATTTAATT ATTACTTAAG TAATAATTGG TCGATTACAA AAGAAATAAG AGCAAAGATT	1380
	TTCATTTTAT CAATAGCATT TTGGGTACAT TGCTTTTTAG TATTTATTAT TGCTTATATA	1440

55

TTGATGTATG TAGTATCTCT ACCATTGATA CCGCTCAACT TTTTATTAAAC TCGATACTTT 1560
 GGTGTGTTTCG TATCAATATT AATAAACTTA GTATTATCAG TCATTGTGT CTTGTTTTTA 1620
 5 ACATTGAAGA GTTTATTTTG GGTGTTGCCG TGGGGGATAA TGCAGAGAAT CCCGCTTATT 1680
 ACGCTTGGTA TACTACCTAA TGGtTTAGTT GTAAACCATA ATTCAAATA CTTTAATGAT 1740
 10 CTCAATGCCT TATATATTTC GATTATTGTT AGCATCATT TTTTCGCGAT AGTAACATTT 1800
 TTAAATAATA AGAAAAGTTG GCGATTAAAA TGATAATTAA CGAATTAAAG TCATGTAAGT 1860
 TGAAATTTTC TAAGCAAGCG CTCACATTG TACCCATTAT TGTAACCATA TTGTTTATAT 1920
 15 TATTTATAAA TTGGTATTTA AACGTAAATT TATGGAATGG TCGACAAATm AGTTTGTTTA 1980
 CAGCGAGTTT TAATGCAATT ACATCGCTAT TAATTTCTAT AAACGTCTAT CAAGTTATCA 2040
 ATTTTGAAGA AAATATTGGT CACTTTAATC ATATTTTAGG AAAAGCTAAT AGGCTAAATT 2100
 20 GGTTAAATGC ATCAATGATT TTTACTTATA CTATTACAGC CATATGTATT CTATTAGCAT 2160
 CAATTAATTT ATTGTGGCAT TCACATGATA TGAAAATAAC ACTTATGTTT ATAGGcGTaT 2220
 CATTTGTTTT CAATGTaATT ATATTACTGC TACTTTTTAT TTTTAGTATT TTCATTAAAG 2280
 25 ATGTAATGGC TATTGTTGTC GGAGTTTTAA TGTTTTATTT TAACGTTTAT TTTGGATTAG 2340
 AAGTGCTTGG AGATCATTCG TGGTCTTATT TACCAATCAC ATATGCTACA CGTTACGTTT 2400
 ATATGTTTAn CGAAGGGGAG TATACCAGTT ACATTAAAT TGGGCAATCT ATATnATTAT 2460
 30 CACGnTGCCG AT 2472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 643:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 646 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 643:

45 ATAATATAGG AATTATTTTCG ATnACAGATT TTACGAATCG TGCTACGATG CAAAATGAAAn 60
 ATAAAGATCC ATATGGCGAA AAGTTAGCTT ATGGAATTGC TTTTAATGGC AGTGTGGATA 120
 TGCAAGGGGA TAAACAAGTC ACAATTCCAA AATATAGTGT AGTTACAATT ACTGGCGAAA 180
 50 ATAGTAAAAA TTATCGTGTT ACCGCCGATA ATAAGACTTA CTATGTTAGT AAAGATAAAT 240
 TAGAATATTT TAACCCGGCA GGTTTATATC AAACGCATAG TTTTAAAAAA TTAGCACCAT 300
 ATATGAAATC AAATTATAGT AATTACTATG CATACTTTAA TAGTCAATTA CATAAAAAGC 360

55

CACAACAACC GATACAATTA CTTTCAATG ATAATAATCA GTTATACGGT TTTGTTTATC 480
 CAATTGTAGA TAAAAAGAA TTAAAGATA AGTTTAATAT TAACAATAAC ATTTGGATTA 540
 5 CTAAGTTGG GAATGGATAT TGTATTGCCA ATTTGAAAGA AGACAAATGG ATTTATATTG 600
 AATTGTAGGT GTAAAGATGC TAGATAATAT TATTTTATAT TTAA 646

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 644:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 426 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 644:

20 TAATATCGGA ATTTGATAAT GAAGATATCT AATTTTTTAA TATTCGTAGC TTTTATTTTT 60
 CTACTTATTT TATGTTTATT TTTAATCTTA CAAATGACAA ACCATTAAAA GTAGCATCCC 120
 AACATCAAAC AAAAAACAA TTCATCAAAT AAAAATCGCT ACAAACCAA GTCATTAAAC 180
 25 ACGCAATAAT TAAATTTTC CACTCATTAT AATTCTGAAT TCCAAATGTC GAATTCCGAA 240
 AACCAAATC CAAATTCCAA AAACGCAACT CCAAAATTAA AAGCATTTC CTACCATTCC 300
 GGAAATGCTT TTTACATACT GgATTACTCT GTCATTAAATG ATTTTACAAC GGgAAACCAT 360
 30 GTCGtCATGT ATGACCaaAG TAGCGTCGCT AtCaTaAgGt GGTTCGGATC TTTATTGGAT 420
 AATnAT 426

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 645:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 3241 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 645:

45 nTTATTACC CACAACATGT TGCGACATTA GGTAATGGG TACCTTATTT ACTTGGTATT 60
 GTTATGTTAG GTATGGGATT AACAATTACA CCTAATGATT TCAAATGGT CTTTAAAGCA 120
 CCTAGAGCAG TAATTATTGG TGTCTGTCTA CAATTAGTA TTATGCCAC ATTAGCATT 180
 50 ATAATTGCAA AGTCTTTTCA TTTACCACCT GATATTGCTG TTGGCGTAAT ATTAGTTGGA 240
 TGTTGTCCGG GTGGGACATC AAGTAATGTA ATGAGTTATT TAGCCAAAGC TAACGTAGCA 300

EP 0 786 519 A2

	ATATATCTAT TTGCAATGA ATGGTTGGAA GTATCTTTCG TGAGTATGTT GTGGTCAGTT	420
	GTTCAAGTTG TATTAATTCC AATTGCTTTA GGTATTGTTT TGCAAATTAT TAATCGTAAA	480
5	ATTGCTGAAA AAGCTTCTAC AGCTTTGCCA ATTATATCAG TTGTGCTAT TTCATTAATT	540
	TTAGCAATAG TTGTAGGTGG CAGTAAGCAC CAAATCTTAA CTACAGGATT ATTAATATTT	600
	TTAGTAGTTA TTTTACATAA CGTATTAGGG TATACGATTG GATATTGGTT AGCTCGTCTT	660
10	TTAAAATTAG ATCGACAAGA TCAAAAAGCA GTCAGTATTG AAGTTGGAAT GCAGAACTCT	720
	GGTTTAGCTG TGTCATTAGC aGCATTGCAT TTTAATCCAA TTGCAGCAGT ACCAGGCGCA	780
15	GTGTTTAGTT TCATTCTATA TATAACAGGG CCTATTTTAG CAAAGTATTG GTCAAAAAG	840
	TTATAATTGC ACTAATAGAA TGAAGTGGTC ATCGGACTAT GTTAAGCTTT GATAAAGAGA	900
	AAAAATAGAG GAGTAAATAT ATGTATAGAG CAGTTATATT TGATTTCGAT GGAACAATAA	960
20	TAGATACGGA ACAACATTTA TTTAATGTGA TTAATAACA TTTAGAGATG CATAATGCCG	1020
	ATCCTATAAG CATTGATTTT TATCGTTCTT CTATTGGAGG AGCAGCTACA GATTTCATG	1080
	ACCATTTAAT TAAAGCGATT GGTTCCGAAA ATAAAGATAA ACTTTATGAA GAACATCATC	1140
25	TTACTAGTAC AACATTACCG ATGATTGATA CGATTAAATC ATTGATGGCA TTTTAAAGC	1200
	AACGTCACAT TCCTATGGCA ATTGCCACAA GTAGTGTGAA AGCGGAAATA ATGCCACCT	1260
	TTAAAGCATT AGGTCTAGAC GATTATATAG AGGTAGTTGT TGGTAGAGAm GATGTTGAAC	1320
30	AAGTTAAACC TGACCCTGAA TTATATTTAT CTGCAGTACA ACAATTAAAT TATATGCCGA	1380
	CACAATGTTT GGCTATTGAA GATTCTGTAA ATGGTGCAAC AGCCGCGATT GCAGCTGGAT	1440
35	TAGATGTTAT TGTTAATACG AATAAAATGA CAAGCGCACA GGACTTTTCT AATGTAGATT	1500
	ATGTAGCAAA AGATATTGAT TACGATCAAA TTGTAGCGCG TTTCTTTACG AAATAGGAGG	1560
	CGTATCATGA TGGGTTACAT TATATTGTTT TTTCTAGCTG GTCCAGTAAT TTTAGGCGTT	1620
40	GGAAATTGG TGATTGGTCC TATATTTAAC AAACAGACAC CATTTGCGGT GCAAGTAAGA	1680
	TCTTTTGTG KTGgkTcmAT GrTTTACTTA ATACTCGCAA CAATTGGCTA TTTTACTA	1740
	TTACAAGGTA AACTTTAACG AGAAAACCAC CTTACCTCAT TAAATGGACG ACCATATGTA	1800
45	TGTGAAATGG TAGAACGTTT ATGTTTATGT ATGAGATAGG GTGGTTTAAA TAGTTACATA	1860
	TATTTTAATA ATAACGTCAC GATGATAAGT ACAATTAAGA TAATATCTAT GCCTACCATA	1920
	ATTGTAGCTC TTGTTGCAIT ACTTCCTTGT TCTTTGCTG ATTCATAGC ACGGTAGTTT	1980
50	GGCACAAAGC TAATAATTAG TAAGATTAAT ACAATTACAC CAATTAATGC TGTGTGCATG	2040
	ATGAACGACC TCCTTTATTT TTTTCAATCA ATTCCCAAAT AAACGTAGCA ATCACACCGA	2100

55

EP 0 786 519 A2

	CAATAATTAA TGCAATCGGT AAAGTCGTAC CGAGTTTAAT CTTGCGCTCT GGAGAATTAA	2220
	TAATAGTAAA TACTGTAAGA CAAATGAGTA TGAAGCAAG TGTGCAATA ATAGTTCTTC	2280
5	CAACTAAATA TAGGATGTCA GGTTTTTCCA TACCGATATA ATTTATGATG AAAAATGCTA	2340
	CAGCAAAGAG TACCGATATT TTTGTAGCAC GTAGCAGTAT TTGTTTTAAC ATTGATATAC	2400
	TCCTTTTTAA TATTATTAAA ATTATATCAT AATTACCAAG AATAGCTGAA GTTGTATGTG	2460
10	ACTCAACGGT ACTTGAGCAA CTTTTTTAAT TTTTGTAGAAA AATCACAAAA TAATTGTTTG	2520
	CAAAGTTGCA AAAGCCTGCT ATAGTAGTTC TGTAAACGAT TGCATGGTAT GCAAATATTA	2580
	ATGTACCAAA ATCGATAATT TATAGTATAA TTACGGCAAT AAGTTTTTTT ATGGATTTAT	2640
15	TTAGTATCAA TCAGAGATGG GGTAAGAAGT TATGGAGAAC AATGAACTAC AAAGGGGATT	2700
	GAGTGCCCGT CAAATTCAAA TGATTGCACT TGGTGGTACG ATTGGCGTGG GGCTTTTCAT	2760
20	GGGTGCGACA AGTACAATTA AATGGACAGG CCCATCAGTT ATCCTTGCAT ATTTAATTGC	2820
	GGGTATCTTT TTATTTTTAA TCATGAGAGC AATGGGGGAA ATGATTTATT TAAACCCTAC	2880
	AACAGGATCA TTGCAACAT TTGCAAGTGA TTATATACAT CCTGCAGCAG GTTATATGAC	2940
25	AGCATGGAGT AATATATTCC AATGGATTGT AGTTGGTATG AGTGAGGTCA TCGCAGTAGG	3000
	AGAATATATG AAGTTTTGGT TCCCGGAATT GCCAACTTGG ATTCTGGTG TTATTGCTAT	3060
	TTTATTATTA ATGGCAGCGA ATTTATTCTC GGTAAAAGCG TTTGGAGAAT TTGAATTTTG	3120
30	GTTTGCTTTA ATTAAAGTTG TAACAATTAT TTTAATGATT ATTGCTGGTT TTGGTCTTAT	3180
	nnTCTnTGGT TTTGGAAATG GTGGCCATGC GGTAGGTATT TCTAATCTAT GGACAAATGG	3240
	C	3241

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 646:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1311 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 646:

	AGGCGTCAAC TCAGATGGTT TAATAATTGC CGTATTACCT GCTGCAATAG CACCGATTAA	60
	AGGTtCGAaC ACTAGTtGAA AAGGATAGTT AAATGGTGCA ATGATCAAAA CTGTTCCATA	120
50	AGGTTCTTTT TTGATATAGC TTTTGTGG AAATAAATAT AAAGGTGTGT CTACATTkTT	180
	TGTTTTAGTC CAGTTTTTAA GTTCtTACG GGCAATTTTG ATACTTyTCA AAGTTATGCC	240

55

	AATATCGCTC TCGTATGATT TAATAGCTTT GCTTAACTTC TTTAATTGCT CTTTTCTAAA	360
	ACTAATATCT TTAGTTTGTT GTGTATTGAA AAAAGCTTTA CTGTCATAAA ATTTTGTCTC	420
5	AATGATATTC ATAATGAAAA GAACCTCCTT ATATGATTAT TTTGGAAAAA GCGATTAATT	480
	GATTTGAATG TTGTGGCCGT TAATTTTAAA TGGTCTTTCG AATTATATAT GTTGAAAGTT	540
	GAAAATAGAG CGATGAATCG TGTACATAAT AATATTTATA ACTTTAATCA TAACGAAAAA	600
10	GGTAGGAAGA AAACAAAAAT TTATACTCAA CATCGCAAAT ATTTAAGAA AATGTAAAGA	660
	CAAAAGGGGA ATTGTATAGA AATCACTAAT CTGTGGGTTA GGGTAGCTAA AGGAATAAAA	720
	ACTACTATTG AAAAAGGGTT GTAAATTAGT CAAACGTAAA TAAAAACAG TTCATTGAAA	780
15	GTGAAATAAA TTCTACTTTA ATGAACTGTT AGTTAAATAC AACATGTCTA TAATTAGACA	840
	GTAATATAGT ATTATTTTGT TAATGCTTCA GTGATTGAG GTACGATTG TTTTTTCGA	900
20	GAAACGACAC CAGATAAGAA GGCCATGTCA TCTTCTAATT GAACATTGAA TGTCGCCAA	960
	CTTATCTTT TTCAGCACCT ACAACTAAAA TTTTGAATC ACTATTAATG ATGTCAGTAA	1020
	CAACAAGTAC AAATAAGTCA TATTTTCTT GTGCACTTAC AGCTAACATT TCTTTTCTA	1080
25	TATCTTCTTT ACGATTAAAC ACTTCGTCAA GGTCAACAGC ATTAAGTTGT GCAATACGAG	1140
	TCACATAGTC ACCCATAGTA AATGATTTAG CATCCATGTT TAATAAGAAT TCAACTGATT	1200
	TATCAGTTGT TGAAGCACCT GCTTTTAAACA TATCTAAGCC GTACTTTTGA ATATCAACTT	1260
30	TAGCAATATC TTTAATTCT TCAGCTGCTT TAACATCTTG TTGTGTACAT G	1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 647:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
35	(A) LENGTH: 1498 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 647:

	CATATACTTT TTCATTTCTT TACGAGATAC TTTACCAGAG GATTTAGACT TCATACGCTG	60
45	ATCCATATGT GCTTGCGTTT CAGaATGTCC ACAAACACAA CGATATACCG CTTCTTTCCC	120
	TTTACCAAAC AACGTTAATT TCTTTTACA GTTTGGACAT CTGCAATTG TTTTGGCGTG	180
	TACATTCTTT TTCGTCTTAC AAGATGGATC TTGGCACACA AGCATCTGAC CATTTTGTAGT	240
50	TTTAACTTTA ATCATGAATT TACCACACGT TGGGCATTCT GTGGTTGTTA AATTATCGTG	300
	TTTATATTTA CGATCACTAT TTTTAATCCC ATTTACAACA TCTTTCGTAA AATCTTTCAT	360

55

EP 0 786 519 A2

CCATTGTGcA GTTAAAAGTG GCGACGTAA TTCTTCTGGT GCTAATTCTA ATATTTGTTT 480
ACCTTTTGAC GTTACTTTAA TTTTACCGTC TCTTGATTCA ATGGCATTCA TATTAAATAA 540
5 TTTATCGATA ATGTCGGCCC TTGTTGCAAC TGTGCCGATA CCACCTGTTT GTTTTAAAGT 600
TTGCGCATAT TTTTATCCT TCAATTGAAT AAAGTTCTGA GGGTTCTCCA TCGCTTTTAA 660
TAACGAACCT TCATTAAAT ATTCTGGAGG TGTGTTTCA TGTCTCTAA TATTTGTTTT 720
10 TGAAATCTTC ACTTCATCGC CTTCTGAAAA AGGCTGTTGC ATCTCTGTAA TAGATTCAAC 780
TTGTCTAATA GATTTAAAC CTA AACAGT TGTACATT CTTTCAAAA CAAATGTGTG 840
15 CCCTGCAACC TCTAAAGTTA CAGTTATCGC GTCATACTCG TGCGGAGGCA TTAAAGCTTC 900
TAAAAACGC TCGACAATCA TATCGTATAA CTTAATTCT CTATTACTTA AGTCTGACAT 960
GACAGGTCTC ACTTCTGTAG GAATAATTGC ATGGTGATCA GATACTTTTT GATTATTAAA 1020
20 TATCGACATT TTTGATGAAA ATGTTTTAGA CATTAATGGG CGTGCTTGGT CTTTATATGT 1080
TGTTGCCATC GTCACCTGAA TACGTTCTTT CATAGTATCT ACCATATCAG TTGTTAAATA 1140
GTTTGAATCT GTTCTTGGAT AGGTTACGAC TTTATGTCTC TCATATAAGC TTTGAAGTGT 1200
25 ATTCAATGTT TCTTTAGGTC CAATTTTATA ACGTCTATAC ATATCTTGTT GTAAATCTGT 1260
TAAATTGTAC AGTGATTGCG GATACGACTT CTTATGTTTA GTAGCAACAG ATTTAATCTT 1320
30 ACCATCGACA TTTTCAAAT TATTAAACCAT CTGTTCTAAA GTTCTTTAW TGGtATATCG 1380
CTGATTTGaw TCTAGCTGAA AATCAAACCC TTTTACCGTT AATGATAATG TAAAGTATTG 1440
TTGTGGnTTG AACTGATTAA TCTCTTGTTG GTCGTGTAAT TTAATAAATT GAAACGGn 1498

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 648:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 1044 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
40 (C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 648:

TAAACAATT CGTTTTATTA ATACAGTTTG TAAAAGTATT CTCTTAGTAC TAATAGCTAA 60
TGTAATGATA GAAAATACTA GTGTTATTAA AGATTTGAAT AAAATAAAAG AAAGTGAAG 120
50 ATATTGGAAT GTATTAGATG ATTATTACAC GATTGAATTT GCACCTTATC ACGAAACAAA 180
ACAAAGTTTG ATTGATAATA TGGTGCGATC AGAACAATTA GTAAAGGCTA GTGAAGCAGA 240
AAATAATGCG ATTTTATTCA AACCAAGGG TGAAGCGTT GACAATGACA ACTTTTCGCC 300

55

TCAACCTGAT ATTCCGATAA AAAATCAAAA AAATAATGTC GAAGTAATTA TTCCACAAAA 420
 GTTTCATGCA ATGCGTAATG AAATCAATCA AGCATATCAT TCATGGTTTG AATTTGTACA 480
 5 AAATAAAAAT AATAAAGAGA ATAAGTTATC TATACAGTTT ATCAACAAAA ATGATTGTCTG 540
 AATTTTTTCA TTTGATGCAC GAGATAGTCG CCATTTGTCA TTTATAGAGG CGCCAATCAT 600
 TGTGAATGTT CAGGCATCAG ATTTATCGaA TGATTTtAT TATGCCATGa TCaGTCaAGG 660
 10 CGGGTATTTa TTCaAAAATT ATGaCGCGCT AGTAAAAAAT ATTGGAAAAG TATCCATCTT 720
 GATGGGGAAA TCCAGTGGAA TAACCAATTA TAAAGATAGC GTGATGGAAA TGTATCATGA 780
 AAACAATTG AAATTAACAG TACTCAACTT TTCACAAATC ATTATCGCAA TCATTTTAAT 840
 15 AATTATTATT TTATTTGATG TGAAATATTA TTTTGAACAG CATCGAAAAT TACTCGTAAT 900
 CAAAAGCTA TATGGTTATT CAACATTAAG AGCCAATTAC CAATACTTAT TAATAAATAA 960
 20 TATAGTTGTT ATTTTTATTG GAATATTGAC GAATGTAATT TTACATTCTC ACTATATAAT 1020
 GATGTTATTT GCAACGATTc TTGT 1044

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 649:

25 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 399 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 649:

35 GAACATATTG GGTTATGCAA GGnGGTCACT CTTCACACTT ATAAACAACA TTTTAATAAT 60
 GTAAAGTTTA ACCAGCTAAC ACTTTTGTTA GCTGGTTTTT ATTTTCCTTC AATTTTTTAA 120
 TGGTTAAGTC CCCTTCTATA TCTTATAAGA CAATCATTAT AATCAATTCA ATTAATACAT 180
 40 TAACAACCAC AACTAATAAA TATAGTAACT TCAAAATCCA TATTTATGTC TAAAGATAAT 240
 CTCAATGTTG TTCACGTCAA TAAAATTATC CCTAGGTTTT TAAAAATTGT ACATGTTTAA 300
 ACAATCAAAA GTGTACATTA TTAAATTATC ATTTCCAGTT AGATTTAGAA AACATTcACA 360
 45 CCACGCATGG ACCAACGTAT TCGTCTTcAT TcATTTTAG 399

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 650:

50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 747 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 55 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 650:

	GTACTAGGTT CTAnGATTCC CTACTGTAGT CATAGATATT TTCCAAACAG AGCCTGACAA	60
5	CTTTTCATTT TTAATAGTGA TCACTATATT AATCGCTATT GCAATTTATG CATGTCGATT	120
	TGTTTGGGTT TATTTCTGGT ACAAAGATTT TTATTTCCCG AAAAATATAC AATCTTATCT	180
	AGACGAGGAA CATGATTCAC ATGAAACACC ACCTTCTCGA GTGCGTTACG CATTTATTAT	240
10	GACCATGTGT GGTATTCACG GTACAATTC ACTTTCAATG GCACTTACAT TACCATTAT	300
	CATTACAAAA GGACAAGCAT TCGAATACCG TAATGATTTA TTGTTTATTG CATCTTTCAT	360
	GGTATTAATT AGTTTAATCT TAGCGCAAAT TGTTTTACCT TTAATTACAC CATCTGCCGA	420
15	AGATACTACT TTAAAGGTA TGACTTATCA ATCTGCCAAA ATTTTCATTG TTCAAAAAGT	480
	GATCCAGCAT TTTAAAAACG AAAGTAAAAA AGACAAAAAC GATACAAATT ATCGCCCAGT	540
20	ATTAAACCAA TACTATGGAG AATTGTTATT TTTATTAAAT TCAGAACCTG ATAATCAAAA	600
	TACrAAAGaA CTCAAACGTT TAGAAGATAT TGCaAAAGTA ATCGAAACAT CTACACTTGA	660
	GCGTTTAATT GATAAAGGTA AGGCAACATA TCAGGATATT AATAATTACC GCAATATTGT	720
25	CGAATTAACA GAGACACACC GTACTGC	747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 651:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- | | |
|----|-----------------------------|
| 30 | (A) LENGTH: 1373 base pairs |
| | (B) TYPE: nucleic acid |
| | (C) STRANDEDNESS: double |
| | (D) TOPOLOGY: linear |

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 651:

	ATACAATACT CTTTTATTAT TCAATAAGCC ACTTCCTATA GCAAATGTTT AACTTTAAAT	60
40	ATTTTTTCGAT GCTAACAAAA AATCACACTA TCATCTTTTA AAATGAAAGT GTGATTACAA	120
	GCAAATCTGT AAAATTTATA AAGCAGAAAC AATTCAACTT TATCATTATG ACATTTCAAT	180
	TAAACCTTCT ACATTATAGT TCCAAGCATC TTACACATGA ATGCAAGTAT TTAACGATTT	240
45	AATTGTGACA TAGCCTGTTG ATATTGTGTT TCATTGATAT AATTTTGTG CTTCAATTTT	300
	TCTAAGTTCG TGCTTACACG TTGCGTAAAA TTCTCTGACA TATTATTGAT ATTATATACG	360
	CTAGGTGCAT TGACTTTACT AGCTAAAATA GCGCTTTGTA AAAGTGTAT GTGAGACATT	420
50	GTTGTACTAT TTTTATTCAC GGTGTTCCTA AAGTAATGGT TTGCTGCGCC CTCAAGCGTA	480
	TATTGATTAT CCCCAAAGTA AATATTATTT AAATAAAAGC TTAAAATTC GTTCTTATTA	540

55

TCATTATCAT AAAAATAATT TTTGACAACT TGTGTGTAA TGGTACTACC ACCTTGACACA 660
TCTCTGTCGC TAATCGTTGA AAATAAGCT CTAGTTGTAC CTTTCAAATC GAATCCATGA 720
5 TGATTGTAGA ATCGTTCATC TTCCATTGAA ATAAAGGCAC CTTTAACATA CTCTGGCATG 780
TTATCAGCTG ACACAAAAC ACTTTTATTT TCAATTTTTC TTAGTTCATC CACATTATCG 840
CGTGTAGATA AAAAATACAT GATACCAATA AACATGCGA TAATGATTAG AATGGTTAAT 900
10 AATATTTTTA ATAGTATTCG TTTACTTTTT TTCTTTTTCG GCGGTTTGCC AACTGGTTGA 960
TAATACGTAT TATAGTGAGG TTCGTGTTTC ATATGCTCAA AATGTTCAAT TGAGTTTGAG 1020
15 TACCTATCGC TTCTTTTCAT GCGTTTGCTC CTCTTTTAA AACTCACTTA GtATATACCT 1080
TGaGTTTACC AGTACTATCA CAAATAGGCT ACACTTTTTG GGAAAATCAG TCCAAGGGCT 1140
TACAATCGTA TACGCCATCA TACTTACTTT TTTGTTTTTT GAAAAAATTA TAGATAAATC 1200
20 ATTGCAATTT TAAATATTAA TCATGTCAA TATTGTTATA TTTTATAAAA ATAAAGACC 1260
ATCCCTATTA AATGCCAATA GAGACGACCT TTTATTTGTT ATTCATTTAT TAAAACTAAA 1320
ATCCATATTT CATTTCAAAC GAAAATATAT AAATTTTAAC AATCGrTAAC CAC 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 652:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 859 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 652:

GGCAGATAAT TTAGTCATTG TTGAATCGCC TGCAAAGCA AnAACCATTG AAAAGTATTT 60
AGGTAAGAAA TATAAGTTA TAGCTTCAAT GGGACACGTC AGAGACTTAC CAAGAAGTCA 120
40 AATGGGTGTC GACACTGAAG ATAATTACGA ACCAAAATAT ATAACAATAC GCGGAAAAGG 180
TCCTGTTGTA AAAGAATTGA AAAACATGC AAAAAAGCG AAAAACGTCT TTCTCGCAAG 240
TGACCCCGAC CGTGAAGGTG AAGCAATTGC TTGGCATTTA TCAAAAATTT TAGAGCTTGA 300
45 AGATTCTAAA GAAAATCGCG TTGTTTTCAA CGAAATAACT AAAGACGCTG TTAAAGAAAG 360
TTTTAAAAAT CCTAGAGAAA TTGAAATGAA CTTAGTCGAT GCACAACAAG CGCGTCGAAT 420
50 ATTAGATAGA TTAGTTGGCT ATAACATCTC GCCAGTTCTT TGGAAAAAG TAAAAAAGG 480
GTTGTCAGCG GGTGAGTTC AATCTGTTAg CmTTCGTTTA GTCATTGACC GTGAAAATGA 540
nATTGAAAC TTAAACCAG AnGAATATTG GACTATTGAA GGAGAATTTA GATACAAAAA 600

aAAAGATGTT GAGAAAATTA CAGCTGCATT AGATGGAGAT CAATTCGAAA TTACAAACGT 720
 GACTAAAAAA GAAAAACGC GTAATCCAGC AAACCCATTT ACAACTTCTA CATTACAACA 780
 5 AGAGGCGGcA CGTAAATTAA AcTTTmAGC AAGAAAAACA ATGATGGTCG CACAACAATT 840
 ATATGAAGGT ATAGATTTG 859

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 653:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 747 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 653:

20 TTCAACTTCG TTTGGAAATC ATGTCCTCA ATTGTTGGAC TTAAACGAAT TTCTTTAACA 60
 TTGATAATTT TTTGTTTCTT TTTCAATTTCT TTTTCTTTT TCTGTTGTTT GAATTTGAAT 120
 TTACCGTAAT CCATAATTCT TGCAACTGGT GGTTCGCAT TCGGTGCAAC GACCACTAAG 180
 25 TCTAAATCTA CACGTTGAGC CATTCTTAA GCTTCAGCT TTGATTTAAC ACCAATTTGT 240
 TCACCATCTT GACCGATTAA ACGTAATTCT TTTGCACGAA TTTTGTGATT GATTTGAGTT 300
 TGATCTTTTG CTATGGTTGA CACCTCCAAA ATTTTACGA AATTTGCACC AAGCAAAAAG 360
 30 GAAGAGCAGG TATAAAATAC CCGCTCTTCC TTATACACAG TTATGTGTAA TGTGATTAAAC 420
 CTGCCAACTG CTTTATGCGT CGCTACAGGT GAGAAGCGGG TGCTTCTACT TGGTTCGTTT 480
 35 CGTATTCAAC GTTATTAATC ATATCAACAA TTCACATTTA AGTCAACACT ATAAGTGTAA 540
 TTATTTTTAT TTTAACCTTT TATTTTATCC ATTGACACGT CTGACGTAA ATCTACTTGT 600
 TCTAATGGAA TTTTTTTCGT TTTATATCGA AGCTTATGAT AAATAAAGAA TGCTAAAAAT 660
 40 ACTGGAATTC CCATATACGT AATTAAGAAG CGACTAAAAT TAAATCTCC TGTnTTAATA 720
 AAGTCAACAT CTGCCCCAAn AAnTACT 747

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 654:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 501 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 654:

EP 0 786 519 A2

TTGTGCTTCT TTTTtagCTT CTtGAACCTC TTGTGCCTCT TGTGATGTAT CACTyAAATT 120
 ATTTGCACTT GCTTCTTCTT TTATCGCTGC TTGTtGTGCT TTCAATGCCA CTGCTTTTGr 180
 5 TTCTTyATTT GATACAGCCA CACTTTTATC CGCTTCTGCT TGTGCTTCTC TTTTAGCTTC 240
 TTGAATCTCT TGTGCTTCTT GTGATGTATC ACTTAAATTA TTtGCACTTG CTtCTTCTTT 300
 TATCGCTGCT TGTtGTGCCT TTAATGCCGC TTGCTCATTt TTAGATTtGT TTAAAAATCC 360
 10 TTCAACACGT TCTTTTGTAT AGGCAACCGT TTCTTCAAGT TCGGTTTTTC TTTCTTCAAA 420
 CTTTtGCGAC AGTtCTTGTh CTTTGACTTT nAAATCATCT GCTTTTTGAT AAACtTTATT 480
 15 TTAAAAATACC AACCTAAAGC C 501

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 655:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 655:

CACCTTGtCA TAATTAATTT TTTGATTTTT CATTTTACTG ATAATAGGTT CAGCATTAAAT 60
 CATGATTtAA CCTCCACAT TTAATCATTa ACTTCTATTa TATATGATTc ATATTAAATG 120
 30 TCAGTCAAAA AAGTTAGAAA TTCATTTTAA TGCATTTATA TTTCGAAAAT CCCTTATGTa 180
 TCTAAAAGCA TTTTTTAAAC TTGAATTTTA AAACACTAAA CAACACATAC GTCTCTGTGT 240
 35 CATTTTCATT TTTTGTATGT CATATATATG TTTACTTCAT TTAAATCAAT TTCATCTTAT 300
 AATTTATCGT GTATTTTACA AAAGATTGAC TTCAATTCAT CGTAAAAGTT ATACTTTTGC 360
 CATTTTTTAA TGTAACATGG TGTTAGTAAT AAAAATAATA CATTGAGGTG TTTTACATGA 420
 40 CAGCATTATT CCCTTATATC GCTTTTGAAA ATTCAAAGA AGCCCTTGCA TATTACGAAG 480
 AAGTATTTGG TGCAACTGAC GTTAAACGTT TAGAAGTTGG CGAAGAACAA GCGTCACATT 540
 TTGGTATGAC TAAGGAAGAA GCGCAAGAAG CAACTATGCA TGCTGAATTT GAAGTGCTTG 600
 45 GCGTAAAAGT GTTATGTTCT GATTCTTTTG GTCGCGCTGA CAAAATTaAT AATGGCATAT 660
 CATTATTAAT TGATTATGAT GTTAACAATA AGGAAGATGC TGATAAAGTT GAAGCATTCT 720
 50 ATGAGCAAAT TAAAGATCAT TCTTCAATTG AAATAGAATT ACCGTTTGCT GACCAATTCT 780
 GGGGTGGCAA AATGGGCGTC TTTACCGATA AATACGGTGT TCGTTGGATG 830

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 656:

(A) LENGTH: 539 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 656:

10 GTATCCATGG GCCCGTnCG CACAACATTT GGnACAATTA GGTACACGnG TTGTCaTCGG 60
 TCGTTTCGGT ATAATTTTAT CGAATGaAGG CCGTGCGTTA CAAACAATGA AACTACCATA 120
 CGAATATTAC ATTGGTGGTA AATTAGGTTT TGGTCAACAA TGGTATTCAT GGATTCATAT 180
 15 CAATGATTTA ATTCAAGCTA TTTTATTTTT AATAAATAAC GAGTCAGCTA GTGGTCCGTT 240
 TAATTTAACT GCACCTATAC CTGAACGTCA AAATTTATTT GGCTACACTT TAGCAAGAGC 300
 TATGCATAAG CCTCATGAAA CTTGGGCACC AAGTCTTGCA ATGCGTCTCA TACTTGGTCA 360
 20 AATGTCAACA GTAGTATTGG ATACTCAAAA AGTATTACCT aATAAAATTC AAGCATTGGG 420
 aTTCCAATTT AAATATAGTA ATTTAAAAAT GGnACTTGAA GATTTAATTA AAGAATAATC 480
 AATACCATTA ATGAGCATTG GAAACAACAT ATGTACTAAA TGTAATGTCT AGAGCGACT 539

25

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 657:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1106 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

30

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 657:

ATCAAGTTGA ATATCATCCA TATTAAACCC AACATAAATT GAfATTATAT TTGGCAGCAC 60
 AACGTATCGT gATGGaATCT TGGTCACCAT TGATGAATGC ACAAATTTTA AATGATGAGA 120
 40 CAATTAAAGA CATTGCTCAA GAATTAGGAA AGTCACCTGC CCAAGTTGTT TTAAGATGGA 180
 ATGTGCAGCA TGCTGTGGTT ACAATCCCTA AATCGGTGAC ACCAAACAGA ATCTCTGAAA 240
 ATTTCCAAAT ATTTGATTTC GAATTATCAG ATGAACAAAT GACGCGAATT GATGGTTTTAA 300
 45 ATCAAGATAA GAGAATTGGA CCTGATCCAA AAAAATTTGA AGGCTAGATT AAAATCGCTC 360
 AACTGATGAA AAGGTTAGAT GAATTGTCAG GGCTTGGGAC ATTAAGTTCT TAGGCAATGT 420
 50 AAAAAAGCTG ATTTCTATTA ATTATTGAT AGAAATCAGC TTTTTTGATA TGTATTTTAT 480
 AATGTACAGC TCGTTGAGCT GCTATTTTCC TTATATTAAG TGCCATTAAT ACAAACCTA 540
 GCTCTCGTTT AACTTTATTT AtTCCTCGAA CTGACGTTG AGTTAAACCC AAAATAGCCT 600

55

CTGGTTCAGA AAGCTTTTGA TTAATTTGGA CTTTAAAGTA TTCCCAATTA TAATTCTTCA 720
 TGATTtTCTT ATTGGATTTT GAATTTGGTT TCATGCATTG TTGCCTCAA GAACATGCTG 780
 5 AACAGTCATC GCATTCATAT AGTTTGAAGT CTCGTTTAAA ACCATATCTA TCATTACGGT 840
 ATGCATATCT TTAAAAACCT ATTCTTTTGT TATTAGGACA TATAAATTCA TCATTAGTT 900
 10 CGTCATATTT CCAATTTTGA GTGTCGAAAA TGTCACTTTT AAACTTTCTA GTTTTATCtT 960
 TAATAACAT GCCATACGTA ATAAGTGGCG TTTTATTAAA ATCATCTATA ATGGCCATAT 1020
 AGTTTGGCT CACTACCCAT AACCTGGCAT CAGCTACCAA ATGAACCGAA GGGATTTTTG 1080
 15 GAATCCATTG GTTGAAAAAA TGGGAA 1106

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 658:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 658:

TTTAACTTT ACTCTTTGAT TTAAAGAGTG ATAAATGTTT ACAGTTTAAT TAAAACTGCA 60
 TAAGAACTTC TAGCTTTTCT CTTTCGTTCA AAGAGAAGCA GCTGTTTCGA GTTTAATCAA 120
 30 AACCACATAA AGCTTTTAAAC TTTACTCTTT GATTTAAAGA GTGATAAATG TTTACAGTTT 180
 AATTAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTTTCGT TCAAAGAGAA GCAGCTGTTC 240
 35 GCAGTTTAAT CAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTTAA AGAGTGACAA 300
 ATGTTTACAG TTAAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAAGA 360
 GAAGTTCTAA TACCACCATA TCGTGCGATC GGAACGGTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 659:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1899 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 659:

ATAATTACAA TGGCTACTGC AATTATTGTT GGAATTATAT ATTTAGTTT AGTCATCATT 60
 TATGCTCCCT TGATTTCAA TTCATATCAT TAGTTTACCA TATTGAAGAT GATATAATAA 120

EP 0 786 519 A2

	AACTTTAACT GAGCTTCATG GGGCACCAGG TTTTGAAGAA GAAGTAAAAA ATTATATGAC	240
	TCAGCAAATG GCGCCGTACG TAGATGAATT TATTGAAAAT CGTATGGGTG GATTTTGTG	300
5	TGTGAAAAAA TCTAAAAATC CAAATGCAAA ACGTGAATG ATTGCAGCAC ATATGGaTGA	360
	AATCGGATTT ATGATTACAA ATATCACTAA AAATGGAATG ATTCAATTCA CAAATTTAGG	420
	TGGTGTGCA AATGATATTT GGCAAGGACA ACGCTTAGTA ATTAAAAATA GAAATGGCGA	480
10	TAAAATTATC GGTGTTGTTT CTAATATACC TAAACATTTT CGTACTGGTA GTGAAGGTGC	540
	ACCGGAAATT AAAGATTTAA CATTAGATAT AGGTGCTCAA AATGAAGATG AGGTGCGTGA	600
	GCGCGGAATA GATATAGGAG ATACAATTGT ACCTCACACG CCATTACACAC AGTTATCTGA	660
15	ACATCGATAT AGTGCTAAAG CATGGGATAA TCGTTATGGT TGTGTCTTGG CAATTGAAAT	720
	ACTAGAATTA TTAAGATA TAGAATTAGA TGTAGACTTG TATGTTGGCG CAAATGTTCA	780
20	AGAAGAGGTT GGATTACGAG GTGCGAAAGC ATCTGCAGAG ATGATAGACC CAGACGTTGC	840
	ATTTGTAGTT GATTGTTTAC CTGCCAATGA CGTTAAAGGA AACCAACCAT TATCTGGTGA	900
	ACTTGGTAAA GGGACGTTAA TTCGCATAAA AGACGGTACA ATGATTTTAA AGCCTGTATT	960
25	TAGAGACTAT TTATTAAAGT TAGTAGAAGC ACATGACATT GAACATCAAT ACTATATGTC	1020
	ACCAGGTGGA ACAGATGGTG GAGAAATTCA TAAAGCTAAT ATTGGTATTC CGACTGCAGT	1080
	TATTGGTGTA TGTGCACGAT ATATTCATAG TACAGACTCA GTATTTGATA TAAGAGACTA	1140
30	TTTTGCAGCT AGATCTTTAC TTTCAGAAGC CATTGTGAAT TTAGATAATA ATCAAATAGA	1200
	AACATTACAA TATAAATAAT CGGGTAATAA CAACTATTAT CTCTAAATAG TTATATATAA	1260
	TCATTAAATTA AGGAGACATA AAAATGAAAC AACTTGAATC AGAACAACAA TTTGAATCTT	1320
35	TAAACAAGG TGCTACAGTA TTTGAATTCA CTGCAGGCTG GTGTCCAGAT TGTAGAGTGA	1380
	TAGAACCAGA TTTACCGGAA TTAGAAGCGA GATATCCTAT GTTTGACTTC GTATCAGTAG	1440
40	ACCGTGATAA ATTTATGGAT ATTTGTATTG AAAATGGTAT TATGGGTATT CCAAGTTTTC	1500
	TAGTATATAA AAATGGAGAA CTGCTTGGA GTTATATTGG AAAAGAACGA AAATCAATTG	1560
	AACAGATAGA TGCATTTTAA GCTCAATACG TGTAATTTAG ACTAGAGAAA AACGGGGTAA	1620
45	TACTCGTTTT TCTCTGTTAC TATGTGTTGA TTTATTGTAA ACTATTATAA GGTGCGAAAT	1680
	TAGGAGTGTT ACATATGAAT ACCTTTCAAA TGAGAGATAA ATTAAAGGAA CGTTTAAGCC	1740
	ATTTAGACGT TGATTTTAAA TTTAATCGTG AAGAAGAAAC TTTGCGTATT TATCGAACAG	1800
50	ATAATAACAA AGGTATCACG ATTAACTTA ACGCTATAGT CGCAAAATAT GAAGATAAAA	1860
	AAGAAAAAAT TGTAGATGAA ATTGTTTATT ACGTTGATG	1899

55

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3774 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 660:

10 GTATAATATC CTTTCAATCT GTTTTCATAT TTTATATATT TTTTAAATAT AAGTGCTAAA 60
 TGTTTTAACT AAAGCATAGA TTGACAAGAT GTTATACAGA ATTTCAAATT CTATCCAATA 120
 15 TTGTTCGAAG TGTAGTATCA CTGGATTGGT ATTAAACAAT GTAAAGGAGA GATTGCAAAT 180
 GCCGTATAAT TACAAGAAAC AAAATGGAGA GTTAATGTCT GTAATGAGCC AAGGTGAAAA 240
 GTTTATTCAT CAATCACCCG TTAATGATGA ACTTAGTGCA TTGATTAAAGT TATTAATTTT 300
 20 TAAAAATTAAC GGTTGTCATT ATTGTGTTGA TATCCATAAA AAAGAATTAA AGGAATTGGG 360
 TGTAaCACAA ATGAAAATTG ATGAAGTCTT GAGTTTTAGA CATTTAGATT TATTTACTGA 420
 TCAAGAAAAA GTGACGCTTG AATTTCGAGA AATGTTAAAT TCAATCAAAG ACTTTAAGAA 480
 25 GTTTGAAATT ATTGACCGGC TAAATCATT TTATGATGAA GAACAAATTA TTGATCTTGT 540
 CTTTGTGTGA AACCAAATTA ACGGTTGGAA CAGATTAAAT ATTATTAGTG ATAGACTATA 600
 ATTGTTTCATA TAAATGCAGA GTTTCATCTC GAACGCTATA TCATAACAAA TCATGCCACT 660
 30 ATACAGGTCA AATCTTGAT AGTGGCATT TAATTTATCC CTTTGAATAC TGTTATTTAA 720
 CGAATATCGG TCCACCTGGT CCAACAGGGA TACCTAATAG GAACCAAATG ATGACAAATA 780
 35 CTGTCCATAC AATACTTAGC GCGATTGAAT ACGGCATTAA ACTAGAAAGT AAGGCTCCGA 840
 GTTTCATGCG TTTATCGTAT TTTTGTGCAT AAGTTAATAA TAAAGGTAAG TACGGCATCA 900
 TCGGTGTAAT TGGATTGGTA ATTGAATCGC CTACACGGTA AATGACTTGT GTGAATGCGG 960
 40 GATGAAAGCC GATAAGGATT AACATTGGTA CGAATATCGG TCCTAAAATA CCCCATTTAG 1020
 CCGATGCGCT TCCGATTAAAC ATGTTGACCA TTGCACTCAG TACAATAATA CCTAGTATCA 1080
 ATACAATACC GTTTTGATGT TCTAATAATT TGGCACCTTT AACAGCAGCG ATAATTCCTA 1140
 45 AATTACTCCA CTTTAAATAC GCAAGTAGCT GTGCTGCAA AAACACAATA ACGATAAATG 1200
 TTCCCATTGA TCCTACAGCA TCGCCGAACA TTTTACCTAA GTCTTTTGTA TTTTAAATTT 1260
 CTTTGCTTAA AATCCCAATA ACTAATCCAG GTACTAAAAA TACGACAAGA ATAATTAATC 1320
 50 CGACACCGTT AATTAATGGC GCATCGTCTA GTAAGCTGCC TGTTTTAGCA TTTCTTAAAA 1380
 AGCTATGTTT AGGAATGGCT GTAATAATTA ATAAATAAT TGTGACTATG AACTGATAT 1440

EP 0 786 519 A2

	CATCATGCAT TAAACTGTCA TCATATTTTC CTAATCTAGG AATAATGAGC TTAGTTGTAA	1560
	CTAGCAATAT CGTAGGAAGT AATACAACGA CACTCGCTGC GATAAAGTAC CAGTTCATAG	1620
5	CAACGTTTGT TTTAATAGAA TCTGAAACGA TACGTGTTGC CGGTTCTGTA AATGAATAGA	1680
	CCAAAGCATC TTGCATACCA ACAACTATAT TTGCTGCAAA TCCTCCAACA GCGGAAGCAT	1740
	ATGCCATCGT TAGTCCAGCG ATAGGGTGAT AGCCAATTTT AATAAAAAGC ATTGCTGCAA	1800
10	GCGGCGGCAA GATAATTGTC GCAGCATCGC CGGCTGTACT ACCTAAAATA CCAATTAATA	1860
	TAATAGTCGG TAAAATTAAG AAACGTGGTG CGCGATTAC AACAGAAATC ATTAACCTAT	1920
	CGAAGTATCC TGTTTTCTCT GCAACACCAA TACCAATCAT CACTGCTAGT ACTAAGCCTA	1980
15	ATGCTGGGAA CTCTGAGAAA TTTTAAATCG TATCATTCAT TATCATCGTA AATCCATCAT	2040
	GGCTAATTAT ATTTTTAATA TAAATGGTTT GATGCGTACC TGGATGCTTA ACAGATACAT	2100
20	TAAATAATGA GATAACCCAT GTCATAATGG CTAAGCCAC ACACATTAAA AAGAATAAGA	2160
	CGCTAGGATC TGGCAATTTA TTTCCGATTT TTTCAACACT ATTCAAGAAA CGATTGACGA	2220
	TAGACCCCTT TTGTTGATGT TTTGATGTCA TCAATTATTC CCCCCTTGT TAAATATTTA	2280
25	AAGTGTAACA AAAAATACTC TCAAAAGTAA CAATTTTCAG GAAATAAAAA AACTAATATT	2340
	GTTAAATATT TTGAGTTATT CAATAGAAAG TGTATAGCAG AGTAGTTAAG ACTGCCTGAA	2400
	GACTTATCTA TTAGGTTTAT GAAGCATCGA ACAGTGAAA ATAAGGACTG TAAGTTTAAG	2460
30	ATATGTTGTA TAGGAGTGAC TGAATGAAAC GTTTGGAAAA TAAAGTAGCA GTCGTAACAG	2520
	GAGCAAGTAC AGGTATCGGT CAAGCTTCTG CAATCGCTTT AGCTCAATAA GGTGCGTATG	2580
	TATTGGCGGT AGACATAGCT GAAGCGGTAT CGGAGACTGT CGATAAAATT AAAAGTAATG	2640
35	GTGACAATGC GAAGGCGTAT AATGTGATA ATGCAAGCGA ACAACAAGTG GTAGACTTTG	2700
	TGTCTGACAT AAAGGAACAG TTTGGAAGAA TCGATGTGTT GTTTAATAAT GCCGGTGTGG	2760
40	ATAATGCCGC TGATAGAATT CATGAGTATC CAATAGATGT GTATGACAAG ATTATGAATG	2820
	TAGATATGCG TGGGACATTT TTAATGACGA AAATGATGTT ACCTTTAATG ATGAATCAAG	2880
	GTGGCTCTAT TGTTAATACG TCTTCATTTT CCGGACAAGC AGCAGACTTG TATCGCTCTG	2940
45	GATATAATGC TGCGAAAGGT GCAAGTATTA ATTTTACAAA ATCAATCGCA ATTGAGTATG	3000
	GCCGTGATAG CATTGAGGCC AATGCGATTG CACCAGGTAC AATTGAAACC CCGTTAGTAG	3060
	ATAAACTGAC AGGTACGAGT GAGGATGATG CAGGTAAAAC ATTTAGAGAA AATCAAAAAT	3120
50	GGATGACTCC GCTGGGACGT TTAGGTAAAC CAGAAGAAGT TGCTAAATTA GTAGCTTCT	3180
	TAGCATCTGA CGACAGTTCA TTCATAACTG GAGAGACGAT TCGAATTGAT GGTGGTGTGA	3240

55

AATTATTTAA AATCGATATC CAGTGGAAAA GAATTTGGCA TGAAGTAGGC AATGTATGCA 3360
 TATTGTGCGA ATGAAAGACA TTAAAGCGG AGATTAATTA ATCTTTGAAA ATCACATATT 3420
 5 GTTCATTGA AGTGTATTGC TTAAAGCTTG TTTAACGTA TTGTAGGTCG TGCATCTAAT 3480
 TTATCAGAAT CTCGAGTTCA AACTTTTGGA GTATCTTTAA AATAAGCTGT ATTTTGTCTA 3540
 10 TTCTAATAAA TTAAGGAGAA TTTTATGTGA AAAGAAAAAG AAAGTTTGTAG ATTGCTATAT 3600
 CAAGCTATAA GAGAGATTGC AGATAAAATT GGAGATAATC AGTTAGAAAC TAATTCCGTT 3660
 AGTTTATCAT TATTGGACTT TGATTTTGAA CATGAAGTAT TTGATGAATT GTATCTTGTG 3720
 15 ATTTCAAAAT ATTTAAATAC AGTAAGTATA GAGAACATAA GTCATAGTGA GCTT 3774

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 661:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1078 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 661:

TACTGGTTTT GGATTTTGGA GGTAATACAG TACCTAATAG TAATATGGT GTCGTCANAA 60
 TTATATCTTT CCGTGATGTT CTTACTCATT AGAACATCnG CCTTCAGAGG AATCATGATA 120
 30 CGAGGAATAA GAAATTTAAA TGTGAGCGAA GTCAATATAG TATTTGCGAT TATTTTATT 180
 AACTCCATTA TTATGTAGT TTTGATTTTT CGAGGATAAC TTCAATTTTT GCATTTTGAG 240
 35 GTTTTTTAAC ATATCTATTT GCATCAGTTG ATGGCAACCT TTTACTTAAA TCTATTGTGT 300
 AGTTATTGTC TGCACCTGTT ATTTAATTT GTCCTTTATT ATAAGAATTA TTATATAATT 360
 TTTTACTTTT AATTAATGTT TGACGAATAC GAAAATCTAA TTCTTTTAAA GTTAAAACAG 420
 40 GCTTATTGCC TTCATAAACT GGAAATCCGC CAGTAAACGT TTCTGCTTTA TCTTTATATG 480
 TTACATTCAG TTTATAGTGT TTATCGTTAG ATGTTGCTGC AGGAGTAACA CCACCAGTAA 540
 ACGTTTCTTG AGATAATGCA AAAGaATCAA TGGTTTCTTG GTCTTTTATG CyAAAAATAT 600
 45 CAACGCTTTT ATTTCTTAAT TGGTTGATAT TGCCCCAACT TTCAGGTCCA TAAACTTGAA 660
 TATGACTATA CCAAGaAAAC TGTAACAACG TTGCATGAAT CgTACCGTTA TCTTTTGGCC 720
 ATAACGTAAT GTTAGAGAAG GTTAAATATT TTTGCGAGTA ATATTTAGTT AACTCATTAA 780
 50 CGTTAGTTTC GTTTGATTT ATATAAtAAG cTTTCGCTTC AGATGAAGAA TTGATAkGTG 840
 TATTAGGAAA TTGTGTAGAT GCTGTACCTA ATAGTAACAA TGTTGTTGAT AAAATAATTT 900

ATAAAAAGGG GTTAATTAGA TAATTGAAAT TATCCGCATT TACAAAAGGT AATAGGTTAG 1020
 TTAGATTTTT CGAGTATGAC TCAATTTCTG CATTACGAGG ATTTTAAACA TAACGGTT 1078

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 662:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1398 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 662:

AACTTGCTTT TTAGTATCTA CGTTAATATT AATAGCTTTA ATTTCACTTG TATTAATTAA 60
 ATCAGCTGTG TAAATACCTG CTTTCAAATC GATAACTTTC TTGTTCCAT TTTTAAAGTA 120
 AACAGTATAT TTCGCTTGCT TCGATAGTCT TAAATCTATA TCACTAATAC CTCTGTCTGA 180
 TTTTAAAACT GATTAACTC TATCCTCTAA ATCTTTATAA CTAATATTTT GATTCTTATT 240
 AAATGTAAAG CTTGATAAAA TATTTTGGCT TGTACCGTTC ACAGTGaTTG CATATGGAAC 300
 ATGGACTTTA GAATATCCAT GGTGTAACGA ACTTGATGAT TTATCTAATG GCTTAGCTGC 360
 GGCAGACGCT TCATTATTAT TAAAGTTTGC ACCTGTTGAT GCTAAAACAC CTAATGCTAA 420
 AGTTGTTGTA ATCAATGACT TAAATTTTCAT AAATTATCTC TCCTTTTTTG TGTAATTCGT 480
 ATTTGCAACT TAATTATAGC CAGACTTTCT CTATTTTTTG AATTAECTGA ATATTAATAA 540
 TAAATTATCT TTAACAATAA TTTTAAACA CTGTTAAAAG TTCTTTTAAT TTTGATTAAC 600
 TAATTAATTT ACAATACCTA AAATGTTGTT TGGTTTTGTT TATACCAAGC TTCAAACCTA 660
 AATGTCATAA CAACATTCAT TTCCTAATTC CTATTAGATT TGTCGATTAT ATTTACAGCA 720
 TCTTTATACT CAAAAACAT TTAAGTAAAA ATATAAATTC GATTTAATAA TTAATTTAAA 780
 TTTAGTTAAT CAATTTTGCA TCTATTTTGT TGTAAGCTAT ATAAAAGGAG TGATAATGAT 840
 GGTGAAAAAA ACAAAATCCA ATTCACTAAA AAAAGTTGCA ACACTTGCAAT TAGCAAATTT 900
 ATTATTAGTT GGTGCACTTA CTGaCAATAG TGCCAAAGCC GAATCTAAGA AAGATGATAC 960
 TGATTGAAG TTAGTTAGTC ATAACGTTTA TATGTTATCG ACCGTTTTGT ATCCAAACTG 1020
 GGGGCAATAT AAACGCGCTG ATTTAATCGG ACAATCTTCT TATATTAAAA ATAATGATGT 1080
 CGTAATATTC AATGAAGCAT TTGATAATGG TGCATCAGAC AAATTATTAATA GTAATGTGAA 1140
 AAAAGAATAT CCTATCAAA CACCTGTACT CGGCCGTTCT CAATCAGGGT GGGACAAAAC 1200
 TGAAGGTAGC TACTCATCAA CTGTTGCAGA AGATGGTGGC GTAGCGATTG TAAGTAAATA 1260

CAACAAAGGC TTTGTTTATA CAAAATAGA GAAAAATGGT AAGAACGTTT ACGTTATCGG 1380
TACACATACA CAATCTGA 1398

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 663:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1200 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 663:

TTGTAATTGG AACGTACGAA CTTTTCTAGG TAAGAAACGT CGAATCTCGT CCTCATTATA 60
ACCAACTTGT AGTCGTTTAT TATCTAAAT AATTGGACGA CGTAATAAGC CAGGATTATC 120
TTGAATGATT GAATATAAGT CTGTGAATGG TAGTGAATCA ATATCAACAT TTAATTTTTG 180
GTATGTTTGA GAACGTGTAG AAATGATTTT ATCAGTACCG TCTTCAGTCA TTTTAAATAT 240
TTGCTTAATT TCATCAATTG TTAATGTTC AGAAAAATA TTACGCTCCG TATACGGAAT 300
GTCcATGTTT tTgkTAACCA TGCTTTCGCT TTTACGGcAA GATGTGcAaC TTGGtGaAGT 360
aATAATGtT ACCATACATC TCACTCTCCT ATTTGAATGA ATAAATTCA TTGCTTAAAA 420
TTTAGTTATA GATCAAGAAA AAACATTTTT TTCTAAAATT CTTAATCGTT ACTATTTATT 480
ATAACTATCT AACATTAAAA TTAATGAGA AAAACCTAAT TTTTCAGATA AGTTTCTACA 540
CTTATAAAAA AGATTATTAA TCCCTTTGTT AGTAGTAAGT TATACGTATA TTCTAACACA 600
TCTTACATTT TTAAGAAATA CTGTTATAAT GATAATTATT AAAATATTAC TAAGAAAGTA 660
GGCATTTAAA TGGAGACATT ATTTTCAGGC ATCCAACCTA GTGGAATTCC TACTATTGGA 720
AATTATATTG GCGCACTAAA ACAATTTGTT GATGTGCAAA ATGACTATGA TTGTTATTTT 780
TGTATCGTAG ATCAACATGC AATTACAATG CCACAAGATC GTTTAAAATT ACGTAAACAG 840
ACCAGACAAT TAGCAGCGAT TTATTTAGCT TCTGGTATAG ATCCAGACAA AGCAACATTG 900
TTCATACAAT CTGAAGTCcC TGCACACGTA CAAGCAGGAT GGATGTTAAC TACGATTGCT 960
TCTGTTGGAG AATTAGAGCG TATGACGCAA TACAAAGATA AAGCTCAGAA AGCAGTTGAA 1020
GGTATACCTG CTGGTCTATT AACATATCCA CCTTTAATGG CAGCTGATAT TGTTCTTTAC 1080
AATACTAATA TCGTTCCAGT TGGAGATGAC CAAAAGCAGC ATATCGAATT GACTCGTAAC 1140
CTGTAGATA GATTTAATAG TCGCTATAAT GATGTGCTTG TGAACCTGAA ATTCGTATGC 1200

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 664:

(A) LENGTH: 787 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 664:

10	TGTACCTTTT GCTTTAATAA ATACTGTTTC TTTATCATAA TTAGGTTTCAG TTAAGAAATT	60
	AAATTGTAAG CTTTGAGTAA TATTTTTTTTG ACTATCACTT GTTGTAGCTG TACGTGTATA	120
	CATTTTAGTA TCACCATCAA GATTCTTCTC AGAAACTTGT TTGATTTTCAG AATTAATCTT	180
15	TGCAAATGAA GTAGCTGGTA ATACAGTGAA AGTAGTCGAT AGTGCTAAsG wACAAATTGT	240
	GATATTTTTTA CATAGTTGTT TAATCATTAG TAATCCGCCC TTTCAATATT ATCCTTCTTT	300
	ATAAGGTTTA TTGTCATCAG AATATTTATC AACGACTTTA ACTGTTTTAT TTTCCAATC	360
20	AACITTCATAA GTGACAATTA ATCTTTGACC ATCTTTATTT TtCTCTAAAA TTGGAGGTGC	420
	ATAATGTATy CCAGGTCTGT TTTCAAAAT ATCTTGATTT CGTGTGTATG TTAATTCAAA	480
25	TTGCGTTTTTC TCATTTGACT TTTCAATTAGA TAAATAAGTT AAAAATTCTG GATTAAAGCC	540
	ACTTCTTACT AATGCTGGGT ATCTATATTT TGAAGCAAAG CTTAGTTCaG GGTTTTCTAC	600
	AGTAGCAATT CTCGTATTTT TATAGAATAA TAATTCATCA TTTCTATTTT TCACTTCTCC	660
30	ACCATACTTC AAGTCATTGC CAATAACTGA CCAGTGTACA TGgCCAGTTn ATTTATTTTT	720
	ACCGCTGGCA ATTGTGTCAT AATTTGCTGC ATCATCAACT AATCGTTTTG GAAGTAGCTA	780
	TTTGCTG	787

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 665:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 533 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 665:

45

	TTATCTGTCA TTAACCACTG GTACATGTGA ACCCGGCnTn AATCAATATA TATATTTAAA	60
	AGCAAAGGCG CGCCATGTGC CTTTtTTnTA tTTTGATAT CTGTATCAAA ATCGATTGTA	120
50	TTAAAATCCG CTTTATTTTA TCATCTATTC AAATGATTTT AGTGCGCTTA TTTTACTATG	180
	GCATTATTGC CTAACCTGTT TGAGATATAT TAATATTTGA TGATTCGTAT TCAAAGTTTT	240
55	CATTTAACAT GTATTTAGTA TCATGATAGC TGCTTCATTG ATGATATACT ACCTACTTTT	300

CAGAGGCAAT ATTGAACAAT TCTTCATCAT GACTATTTTC CATCACATAA CTATGCTTAG 420
 CGAACGCTAA CATATCTTTA TCATTATTCG CATCTCCGAA GGCCATGAGC TCTGAAGGAG 480
 ACATTTCCCA TTTATCTAAC AATCGTTTTA ATGCCTGnCC TTTAGTCATG TTT 533

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 666:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 666:

GACTTCTCTT GCACTAAAAA TTGCTCAAAT TGCTCGCTGT CATAACCAGG CGGTGTTTCC 60
 AACCATACAT ATATGCCACC TTTAGCATGA ACAAATGGCA AATCAGCTTT TGCAAGCATG 120
 GCTTCGAATC GGTACGACG TGTTTTAAAT ACATTGCTTT GTTCTTCTAA AAAATCATCA 180
 TAATGGATTG AAAGCATATA TTGCGGTCAT CTGTGAAATG CACCAAACAT CCCAGCATTT 240
 GTGTGCGTTT GGTACTTTTT CAAAGCTTGA AATCATATCT TTATTACCAA CTGCCAAAAC 300
 CGACTCTGAA AACCTGGACA TGTGATGAA CCTTTnAGAC AAGGGAAGAA ATTTGCAATC 360
 GCAACATCTT TGCCCATTTT nCCGAAGCAA GTGnGACTAG 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 667:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 412 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 667:

TCTCCAATGC TACTCAAATT AAAAAGGTTT TAAATATTGT TAATTCTGAT CCAGAGCGAA 60
 AGATTGTTAT CGTTTCTGCT CCAGGTAAAA GACATGATAA TGATATTAAA ACAACTGATT 120
 TGTTAATCAG ATTATATGAA AAGGTCATTA ATCATCTTGA TTATCATGAT AAAAAAAGAG 180
 AAATTATTCA GCGTTATGAT GATATTGTAA AAGAATTGCA AATGGATGAA AGTATTTTAC 240
 GGACGATAGA TGTGACTTTG GAACATTATA TAAATCAATT AAAAAATGAA CCAAAGAGAC 300
 TATTAGATGC ATTACTTTCT TGTGGTGAAG ATTTTAATGC GCaAyTGaTa GCyTTATATA 360
 ATAAtAGTCa gGTtACCAAC AAmATwTATA TCCcCGAAGG AAGCGGGTAT TT 412

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 668:

TTACTCGTTA AAGATATTGT AAAAGATGAA GTGACAGAAT ATGACATTCA TCAAATGTTA 60
 CCGCATCCGA TTAATATGGT AAGGGTTAGA CTTTTTGGTG TGAAATTAAA AGAGATTATA 120
 GCTAAAAGTA ATAAACAAGA nTATATGTAT GAACATGCAC AAGGTTTGGG TTTCAGAGGG 180
 AATATATTTG GAGGATATAT TCTTTATAAT TTAGGGTACA TTCATTCTAC AGGGCGTTAC 240
 TATCTGAATG GAGAAGAAAT CGAGGACGAC AAGGAATATG TACTAGGTAC GATAGATATG 300
 TATACGTTTCG GTCnTATTnc CCAACATTGA AGGATTACCA AAGAGTATTT AATGCCAGAG 360
 TTTTTCAGAG GTATATTTAA nGAAAATTAT TGGCTATTTA 400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 669:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1236 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 669:

TGTTTCGATAT TTTTAAATTT ATCTTTTAAA TACAACAACCT GTTTCGGTAA TGATTTAACT 60
 GTTTTATGAC TAATGCCATT GAATATTTCT AGCGTTTTAT TTAACCTATC GATAATCGCA 120
 TGTAATCCT TCAAATGTC TTTTGTTC AAGTAAATA CATTATGGAA GCGATGAATA 180
 TCATCATCAT AAACATCAGA ATCATTGATA ATCGTAAATA TCGTTGAGAA CAATTGCTCA 240
 TTAACTCAT GAATCTCATT CATACTAGCC TTCAAGCCAA AAATATCAAT TGGTGCAATA 300
 TCTAATTTTT CCAAATTCG CTGCTTTTCC AGTTGATCAA TTGCCTTTAA CAATTTTTCA 360
 TTTTCGTTTT TACCAATCAA ACCAAGCTGA TATTTAATAT CAGCATACT CAACTCATTT 420
 GTCACCTTGAT TTAAGGCATA GTCTGGTAAG CGATGTGCTT CATCCACTAT ACAATCATCA 480
 AACAAATTGAT ATATTGAATT TTCAACATCA GAATGaATTA AATGTGCATG ATTTGTAATA 540
 CCAATTTGaA TGTTCTGTGC ATTTTCGCTTA ATAAAATTAT aATAATGAAC ATCGTGACGT 600
 GCCGGTACAT ATGTTTCAAT TTTCTGGTca AAATACATCT TTTGACCACC TTTTAAATTT 660

ATATTCACtT CGTAATTACT TGTGTCATCT TTTAAAATTT GACTAATAAG CCCC AATGAA 780
 ATGTAATCaC TTtTACTTTT AATCAATAGT GCATTAATTT TAAAATTCAA CGCTTCATTC 840
 5 ATTGCTGGAA TATCTTTTTT TAACAATTGA CTTTGCAGTA ATTTAGTATT GGTAGAAATC 900
 ATGACATGCT TCCCAGTTTC AATATTATAC ATCAAGGCCG CAAGTAAATA TGCTAATGAT 960
 10 TTACCACTGC CTAGTGATGC TTCAATCATT GCTTTTTTCAC TATGCATGAG CTGATCTAAT 1020
 ATAGTTTCCG CTAATATATA TTGTTGCGGT CGATATGTTA AGCCAAGTTG ATCTACAGCT 1080
 TTGCTATATA AAGACTTCAA GCTGCCATTA TAATTTGTTG TCGGCTTTTT AAAATCAACT 1140
 15 TGCTTACGAT AGATAATCTG TTCGAACTTT TCGTACGATT TATCCAATGG CTTTGCATCA 1200
 TATTGCCTAA CCATCTCAAA GAAAATATCA TACAAA 1236

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 670:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1819 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 670:

30 ACAsAATTAT TGACCAATAT GACTCGTGGA CTGATATGTT TAAAGCACTA CTGCATGAAA 60
 CATTTAAGC ATATGGCGTT CTATTTATAG ATGCGCAGTT TGAGCCGTTA AGAAAAATGG 120
 AAGCGCCTAT GTTTAAAAAG ATTTTGAAAA AACATCAGTT GCTTGATGAT GCTTTTAGAG 180
 35 CAACACAACA ACGTACTCAA AATCAAGGCT TGAATGCGAT GATACAAACA GATACAAATG 240
 TTCATTTATT CTTACATGAT GAAAATATGC GTCAATTAGT tTCGTATGAT GGTAAGCAyT 300
 TTAmATTAAA TAAAACAGAT AAGACATATA TAAAGGAAGA AATTATAAAT ATTGCGGAAA 360
 40 ATCAACCKGA ATTATTTTCT aATAATGTAG TGACAAGACC ATTAATGGnA GAATGGTTAT 420
 TTGAACACGG TGGCATTGT TGGAGGACCG AGTGAAATTA AGTaCTGGGC TGAACATAAA 480
 45 GATGTATTTG AACTATTTGA TGTTGAAATG CcTATCGTGA TGCCAAGGCT TAGAATTACT 540
 TATTTAAATG ACCGTATAGA AAAATTACTT TCGAAATACA ATATTCCATT AGAAAAAGTG 600
 TTAGTCGATG GTGTTGAAGG AGAAAGAAGT AAGTTTATTA GAGAACAAGC ATCACATCAA 660
 50 TTTATTGAAA AGGTAGAAGG TATGATTGAA CAACAGCGTC GTCTAAACAA AGACTTATTA 720
 GATGAAGTGG CGGGGAATCA AAATAATATT AACCTTGTGA ATAAAAATAA TGAAATTCAT 780
 ATACAACAGT ATGATTATTT GTTAAACGT TATCTTTTAA ACATTGAAAG AGrAAACGAC 840

5 GAAAGAATAT GGAATCCACT TCAAATTTTG AATGATTTTG GGACAGATGT GTTCAAGCCC 960
 TCCACCTATC CACCACTTTC TTACACTTTT GATCATATTA TTATAAAACC TTAATATACC 1020
 AAGGGTTTAG CCCGATTAT CTTAATGATA AATCGGGCAT TTTTTGTTT TTTAAAATAA 1080
 ATTTACAAA TTTTGTATAA ATAGTGGTGG ATAGTGGGA GATGTGGTAA ATTATATATA 1140
 10 AGGTGAGGTG ATAAAAATG TTCATGGGAG aATACGATCA TCAATTAGAT ACAAAGGAC 1200
 GTATGATTAT ACCGTCCAAG TTTCGTTATG ACTTAAATGA GCGTTTTATT ATCACAAGAG 1260
 GCCTTGATAA ATGTTTATTC GGTACACTC TAGACGAATG GCAACAGATT GAAGAGAAAA 1320
 15 TGAAAACCTT ACCTATGACA AAAAAAGACG CACGTAAGTT TATGCGTATG TTCTTCTCTG 1380
 GTGCTGTTGA AGTAGAACTT GATAAGCAAG GCGGTATTAA CATCCCTCAA AACTTGAGGA 1440
 AATACGCTAA TTTAACTAAA GAATGTACAG TAATCGGTGT TTCAAATCGT ATTGAGATTT 1500
 20 GGGATAGAGA AACTTGGAAT GATTTCTATG AAGAATCTGA AGAAAGTTTC GAAGATATTG 1560
 CTGAAGATTT AATAGATTTT GATTTTAAAT ATGGAGGAAT TGAAGtGTTT CATCATATCA 1620
 GCGTTATGTT AAACGAAACC ATTGATTATT TAAATGTAA AGAAAATGGT GTGTACATTG 1680
 25 ACTGTACGCT AGGTGGAGCG GGACAnGCCC TTTATTTACT AAATCAATTA AATGACGACG 1740
 GAAGATTAAT AGCAATCGAT CAAGACCAA CTGCAATTGA TAATGCTAAA nGGGTATTAA 1800
 30 AGGATCATTT GCATAAAnG 1819

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 671:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 609 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 671:

40 ACCAATTATT GGACAGGAAT TAGCAAAAAA TGCAATGCTT GCATTAATCT ATGCATCGAT 60
 45 AGGTATCATC ATCTATGTAT CATTACGATT TGAATGGCGC ATGGGTCTTT CATCTGTATT 120
 GGCATTATTA CATGATGTAT TCATTATAGT AGCGATTTTC AGTTTATTTA GAATTGAAGT 180
 AGATTTAACA TTTATCGCCG CTGTATTAAAC AATTGTGGT TATTCAATTA ATGATACAAT 240
 50 CGTAACGTTT GACCGTGTAC GTGAAACTT ACAAAGGTT AAAGTGATTA CGACAACAGA 300
 ACAAATTGAT GATATCGTTA ATAGATCAAT tAGACAGACA ATGACACGTT CAATTAATAC 360
 55 AGTATTAACA GTTATTGTAG TAGTAGTTGC TATACTATTC TTCGGTGCTC CTACGATATT 420

EP 0 786 519 A2

TGCCGTTCCG CTATGGGGAA TAATGAAAAA ACGTCAGTTG AAAAAATCGC CGAAACACAA 540
ATTAGTTGTA TATAAAgAAA AGAAATCGAA CGATGAAAAG ATTTTAGTTT AAAAtGaATT 600
5 AAGCGGTAT 609

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 672:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 672:

CTTAAACAG CAATTTGAAC GTTTACAAAA TGAACAAATC TTTGTTTATG TTTGTCATGG 60
20 TAATCACGAT CCTTTATCAT CAAAGATTTT ATCAAACCTGG CCAGATAATG TtntTTGTATT 120
TTCAAATAAA GTTGAGACGT ATGAAGCAAT TACTAAATCT GGTGAAACAA TTTATATTCA 180
CGGATTTAGT TATGAAAATA GAGCAAGTTA TGAGAACAAG ATTGATGAAT ATCCATCAAG 240
25 TCAAGGCCAA AAAGGCATAC ATATTGGTGT CTGTCATGGT ACGTATAGTA AATCTTCAGT 300
TAACGAAAGA TATACCGAGT TCATTTTAGA AGATTTAAAC AGTAAATTGT ATCATTATTG 360
GGCTTTAGGT CATATACATG AACGTCAACA ATTAAGTGAT ATGCCTGTAA TTAACATTTC 420
30 AGGTAATATT CAAGGTAGAC ATTTTAATGA GCAaGGTGAA aaAGGTTGCT TATTAATCGm 480
GGGTGACCAC TTAaaATTAA AGACTAAATT TTATCCTACA CAGTATATTA GATTTGAAGA 540
35 AGCAACTATT GAAACGGATA AGACATCTAA GCAAGGTTTA TACGAGGTCA TTCAAaACTT 600
TAAAGAACAA GTGAGAGAAG AAGGAAAAGC CTTTATCGT TTAACGCTTG TTATTAATAG 660
TGAGACATTA ATTTACCTC AAGATTTATT ACAAGTTGAA GAAATGATTA CAGATTATGA 720
40 AGAAAACGAA AATCAATTTG TATATATTGA TGAGTTAAAA ATACAATATG CACAAAATGA 780
TGAGTCACCT TTAGTTAATG AATTTTCAGC GGAATTATTA GTCGATCAAA CTGTTTTTGA 840
TAAAGCGATG TCAGATTTAT ATTTAAATCC AAGGGCATCT AAGTTCCTAG ACGATTATGG 900
45 AACATTGAC CATAAGCAT TAGTTAATCG TGCTGAAGAA ATATTAAAAG CTGAAATGAG 960
AGGTGAACAA AATGATAATT AAATCACTTG AAATTTATGG TTACGGTCAA TTTGTTCaC 1020
50 GTAAAATTGa ATTTAATAAA AACyTCaCTG AAA'TTTTGG TGAAAATGAA GCGGGTAAAT 1080
CGACGATTCA AGCATtCATC CATTGATAT TATTTGGATT TCCAACATAA AAGTCTAAAG 1140
AGCCAAGACT AGAACACGT CTAGGTAACC AATACGGTGG TAAATTAGTA CTTATTCTTG 1200

EP 0 786 519 A2

TATATTTACC TAATGGTGCT GTGCGTGATG ATGCTTGGTT AAAAAAGAAA CTTAATTATA 1320
 TTTCTAAAAA GACATATCAA GGTATCTTTT CATTTGATGT ACTAGGGCTT CAAGACATTC 1380
 5 ATAGAAATCT AAATGAAAAA CAATTGCAAG ATTATTTATT ACAAGCmGGG GCTTTAGGAT 1440
 CAACTGAaTT CACGTCAATG CGCGAAGTGA TTAATCGTAA AaaAGATGAA TTATATAAAA 1500
 aATCAGGTAA AAATCCGATC ATTAATCAAC AAATTGAGCA ATTAAAACAA CTAGAAAGTC 1560
 10 AAATTCGTGA AGAAGAAGCA AAGCTAGAAA CATATCATCG CTTAGTAGAT GATCGAGATA 1620
 AATCATCACG TCGATTAGAG AATTAAAGC ATAATTTAAA TCAATTATCA AAAATGCATG 1680
 AAGAAAAACA AAAAGAGGTT GCTTTACATG ATCATTCAACA AGAATGGAAG TCTCTAGAAC 1740
 15 AACAGTTAAA TATTGAGCCA ATCACATTCC CAGAAAAAGG TGTGGATCGT TACGAAAAAG 1800
 CACGAGCGCA TAAGCAATCG TTAGWAAGAG ATATTGGTTT AAGAAATGAG CGTTTAGCTC 1860
 20 AACTTAAAGA AGAAGCGACT CAATTAGAGC CAGTTAAACA ATCTGATATT GACGCCTTCA 1920
 TTAGTTTGAA TCAACAAGAA AATGAAATTA AAAATAAAGA ATTTGAACTT ACTGCAATCG 1980
 AAAAGGATAT TGCGAATAAA CAACGTGATA AAGATGAATT GCAATCAAAT ATTGGTTGGT 2040
 25 CTGAAACGCA TCATGACGTA GATAGTTCAG AGGCAATGAA AAGTTATGTC AGTGAGCAAA 2100
 TCAAGAATAA ACAAGAACAA GCTGCATACA TTAAACAATT AGAACGTAGT TTAGAAGAAA 2160
 ATAAAATCGA AGATAATGCG GTTCATAGCG AACTAGATTC TGTTGAAGAA AAATAGTTCC 2220
 30 TG 2222

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 673:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 406 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear
 40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 673:

45 TTGCAGGTAT CTTTTTTTA ATGCCATATG GATTATGTTT TCTACCGTTT TATAAGCAAA 60
 AAAAGAAAAA ACAGACATTT AAAAAATACA TGGTTTACAC TACGATTGGT TTGTCAATTT 120
 GTCTAGGCTT ATCTCTAGTT TTGGTTCACA CTACGAAAAT TTATATGGAC GAAGGTGGCG 180
 50 TAAGATACTA TTACGGTAGT TTTGTAATGA AACAAGCGGG CGGTTATGCT TATTTAGCTT 240
 TAGCGGTACT TTCAACGTTG TTAATTGTTG CGAAAAAGC TACAAATAAA AATAAAGAAA 300
 TCGAAACCGT CGACAATACA AATATAACGG AAAGATAATT AAGGGAGTGC TCATTCAGGA 360
 55

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 674:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 927 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 674:

```

CCACTTTGTG GATTTTCTTT ATATTCTCCA CGCTTGtACT ACAACTTCTT TCGTTTCTGT      60
TTCATCACCG ACTGCCGCAT TCGTTAGCAC ATGTAATAAC TCTTTTGCGG TTAATACATT      120
CTCATCTATA ATCTTATCTT TTTGTTCTTG TATATATTGC TTGATGTGCG GCTTTTTCAA      180
TAACCTACAC GCTGTCACAT GTGCGCTATT TGC GTTATAT CCTGyTTTTA TGGCACTTTG      240
TGTTACATTC AGTGTCTCTAA TATACTCATT CACAAAACGT GCTTGCTTTG CAGTTAACTC      300
ACTCATTTTA TCACCCCCAC AATTTTATCT AATATGGTTT CATACCATAA TATTACAGAT      360
TGTTCTGAAC AATCTAAGGC ACTACTAATA TCTTGATAAC TAAGTCCTTG TATAAGGGAG      420
TCAAAAATAT AAAACTCTTT ATCGGTCGCT AATCTGTCAA CAATCATTTT TATGTGATTC      480
TTTATAATAT GATCATTGAC ATTATCGTCT GTCATCAATT CGTCAGAATC TTCATCACCT      540
ATTAAAAAGA AATCATCAGT ATTTATTTCa TCATCGCCCC GTTAACTAGC TTTGAAGTCT      600
TTAGCACACT TGCATATACC GGCTGTCGTG CTGGCKAGAT ACTAGCATTG AAGTGGTCTG      660
ATATTGATTT TGAAAACAAC ACGATTAGTA TTAATAAAAC ATATTACAAT CCAAATAATA      720
ACAAGAAGAA ATATCAGATA CTTCCCCCTA AAAGTGAAG TTCTATCGGT AAGATTTCGG      780
TTGACCCAAA TGTAATAAAG GtGtTGCgTG ATTATAAGAT AAACGTTCAA AATAATTGGA      840
AAAACGAATT ATATAATGAT AACCATTGTA ATGAAAAAAC TATCAATGTG GATACAAACC      900
ATTATGTCAC GTACCAGCAT ACTCAA                                     927

```

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 675:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1100 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 675:

```

GATGTTAAaA TAAGTACATC ATTTTGACTC CCAAATATTG GCTTTAGACC TTGAAATGCT      60

```

EP 0 786 519 A2

CTCATAATGG CATCAGGTAC cAGGGGTTGG GaCCAGGTGT TAATAACAAC GGTGATGAT 180
AATACATTTA TATGCCTCCT ATAAATAAGA TTCTACTATT TTAGCAAATT TTCTGAAAAT 240
5 TTAAGAGCCT AAAAgtGAT AACGCTATAT TGTGGAACAA ACGTTATCAC TTAACGATTT 300
TATTTGGCCT GAATGATGGG ATAGATTTTT ATGTCCACAT TATTTCTTAC AGCATTGAA 360
ATCATGCAAT TATTATCTGC AATTGTTATC AATTTTGGA ATCGCTTTTC TAATTGTGCT 420
10 AATTGATCAC TTGGAATTTG AATTGAGGA TGGTGACAA TTTTGACAT ACTGAATTTT 480
CCGTTATTTA AACAAGCTGT TCCAATCGAT TGTGTkCAA TTGAAATATC TGTGAACTTT 540
15 GCACGTTCAA GAGTAGCTGC TAATGAGATG ATATAACATG ATGAAGCGGC TGATACTAAC 600
ATTTTCATCGG GATTTGTTC TATACCAACA CCACCTAAAG AAGCAGGTAT AGAAATATTC 660
TCTGAAAGTA TGTGCGCTTG AACGTTTCCG ACATTGTTAC GACCACCTTG CCAAGAAGTT 720
20 TGGACTTTAA AGTCATGTTG ATGCAATTGC TTTAACCTCC AATATAATTG TGATAGTTTA 780
ATTTTAGAAT AGTTTATCAA AGTTTAACAG AAAGGTGACT TATCAATGAC TCTGAATAAA 840
CTGAAAGATG AATTACAAAT TGTTTCGCAC CGTGGATTGC CGAGTGATTT TCCTGAAAAT 900
25 ACAATGGTCG GTTATCGAGA GGTAATGGGG CTCAATGTTG CTATGTTAGA AATAGATGTT 960
CATTGACCA AAGACCAACA TTTTGTGTG ATACATGaTG AAACAATTGa TAGAACATCG 1020
GaTGGtArGG GCGTAwTgC TGaTTACACA TTATCGCAAT TAAATCATT TGATTTTGGT 1080
30 AGTTATAAAG ATGTTGCTTT 1100

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 676:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
(A) LENGTH: 460 base pairs
(B) TYPE: nucleic acid
(C) STRANDEDNESS: double
(D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 676:

ATTAATTTCA TATGGAAATA GTTGAACATA CTGCGCTGTA TAAGCTTCAA CAGTTTGATG 60
45 AATTAACGAT TGATCTTCAA TATATCCGTA GAACAAATCT TCAGTACAAA CTACTTTACC 120
TTTATCAGGT TTAATTGCAC CTGCCAACAA TTGACCTACC AACGCTTTGG AAGATTCAGG 180
TTCACCAATT ATACCTAATG CTTCTCCTTG ATAAATATGT AAATAATAT TGTTTAAATC 240
50 GATATCTTCA GCATCATATC CAAAAGGTAA ATACCATTTT TTATTCTGTT TATTCCTATA 300
GTAGTGTGTT ACTTTTAGTA ACTTTAAAAC AATTGAACTT CCCATCTATT TTCATCCTTC 360

55

CCCCACGCaa AAATACCTTT TAATCTTnCT ACTTTAAAT

460

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 677:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1451 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 677:

15	GTCAAGTTTT CGGCTAGATT TTAAACGCTC ATCACTATGT AGAATGAAAC TTTCGAAAAA	60
	CTGTAAATCA TCATAACCTT TTACATAAAC ATAACCTTCG CCACCAATTG CTTGAATTAA	120
	ACATTGGGCG GCCATTTGAA TTTCTAAAGA TTGTTTTTCT AGCCTATTAA AGATACCTAT	180
20	TAGTTGTGTG TTTAAGATTT TTGACATCTT TATCCTCCAA TCTACTTATA AAATATTGTA	240
	ATTAATGACT ACATATTATG CAACGGCTTA AATTGTATAA AAATGTATAC GTTTGCATTT	300
	AGTATAACTA TCGCATTTTT CAAAAAATAC ACATTTAATC TGCAGTATTT CAATGCATTG	360
25	ACGCTATTTT TTTGATATAA TTACTTTGAA AAATACGTGC GTAAGCACTC AAGGAGGAAC	420
	TTTCATGCCT TTAGTTTCAA TGAAAGAAAT GTTAATTGAT GCAAAAGAAA ATGGTTATGC	480
	GGTAGGTCAA TACAATATTA ATAACCTAGA ATTCACCTCA GCAATTTTAG AAGCGTCACA	540
30	AGAAGAAAAT GCACCTGTAA TTTTAGGTGT TTCTGAAGGT GCTGCTCGTT ACATGAGCGG	600
	TTTCTACACA ATTGTTAAAA TGGTTGAAGG GTTAATGCAT GACTTAAACA TCACTATTCC	660
35	TGTAGCAATC CATTTAGACC ATGGTTCAAG CTTTGAAAAA TGTAAGAAG CTATCGATGC	720
	TGGTTTCACA TCAGTAATGA TCGATGCTTC ACACAGCCCA TTCGAAGAAA ACGTAGCAAC	780
	AACTAAAAAA GTTGTGAAT ACGCTCATGA AAAAGGTGTT TCTGTAGAAG CTGAATTAGG	840
40	TACTGTTGGT GGACaAGAAG ATGATGTTGT AGCAGACGGC ATCATTTATG CTGATCCTAA	900
	AGAATGTCAA GAACTAGTTG AAAAACTGG TATTGaTGCA TTAGCGCCAc ATTAGGTTCA	960
	GTTCATGGTC CATACAAAGG TGAACCAAAA TTAGGATTTA AAGAAATGGA AGAAATCGGT	1020
45	TTATCTACAG GTTTACCATT AGTATTACAC GGTGGTACTG GTATCCCGAC TAAAGATATC	1080
	CAAAAAGCAA TTCCATTGGG TACAGCTAAA ATTAACGTAA ACACTGAAAA CCAAATCGCT	1140
	TCaGCAAAAG CAGTTCGTGA CGTTTTAAAT AACGACAAAG AAGTTTACGA TCCTCGTAAA	1200
50	TACTTAGGAC CTGCACGTGa AGCCATCAAA GAAACmGTTA AAGGtAAAAT TAAAGAGTTC	1260
	GGTACTTCTA ACCGCGCTAA ATAATTAATA TTTAGTCTTT AAGTTATTAA TAACGTAGGG	1320

AATAAATAAA ACAGTTTGAT TTTAAAATGA AAGCGTAAAA ATGGTAAAAT ATATCAAAAT 1440
 TGATTGTGAT A 1451

5 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 678:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 668 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 10 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

15 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 678:

nGTATTGAAG CGGTTAAACA AACACCTAAT GCAACTGACG AAGAAAAGCA GGCTGCTGTT 60
 AATCAAATCA ATCAACTTAA AGATCAAGCA ATTAATCAAA TTAATCAAAA CCAAACAAAT 120
 20 GATCAGGTAG ACACAACCTAC AAATCAAGCG GTAAATGCTA TAGATAATGT TGAAGCTGAA 180
 GTAGTAATTA AAACAAAGGC AATTGCAGAT ATTGAAAAAG CTGTTAAAGA AAAGCAACAG 240
 CAAATTGATA ATAGTCTTGA TTCAACAGAT AATGAGAAAG AAGTTGCTTC ACAAGCATT 300
 25 GCTAAAGAAA AAGAAAAGC ACTTGCAGCT ATTGACCAAG CTCAAACGAA TAGTCAGGTG 360
 AATCAAGCAG CAACAAATGG TGTATCAGCG ATTAAAATTA TTCAACCTGA AACAAAAGTT 420
 AAACCAGCTG CACGTGAAAA AATCAATCAA AAAGCGAATG AATTACGTGc TAAGATTAAT 480
 30 CAGGATAAAG AAGCAACAGC AGAAGAAAGA CAAGTAGCAC TAGATAAAAT CAATGAATTT 540
 GTAAATCAAG CCATGACAGA TATTACGAAT AATAGAACAA ATCAACAAGT TGATGATACA 600
 35 ACAGTCAGCG CTgATAGCtT GCTTTAGTGA CGCCTGACCA TATTGTTAGA GCgCTGCTAG 660
 AGATGCGT 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 679:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 1906 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 45 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 679:

GATCCAAATT TAAAAGGAAA AATAGCCTTt AACGAATTTA CGAAACAAAT TGAATGTTTA 60
 50 GGGAAAGTGC CATGGAATAC TAATTTTAAG ACACGTCAAT GGCAAGACGG TGATGATAGC 120
 AGTTTAAGAA GTTATATCGA AAAGATTAT GACATACACC ATTCAGGTAA AACAAAAGAT 180

55

EP 0 786 519 A2

	ATCGTGGGAT GGACATAAAC GCCTTGAAAA GTTATTTATC AAATACTTAG GTGTTGAAGA	300
	CcTGaAGTGA ATAGAACAAC TACCAAAAAA GCATTGACTG CTGGAATCGC TAGAGTAATG	360
5	GAGCCTGGAT GTAAATTGTA CTATATGCTT ACACTTTATG GTCCTCAAGG TGTAGGTAAA	420
	TCTGCTTTGC TAAAAAAATT AGGTGGTGCA TGGTTTCTG ACAGTTTAGT TTCTGTTACA	480
	GGTAAAGAAG CTTATGAGGC CTTACAAGGC GTTTGGCTAA TGGAAATGGC AGAACTTGCA	540
10	GCTACAAGAA AAGCTGAAGT TGAAGCTATT AAGCATTTCA TATCTAAACA AGTTGACCGA	600
	TTTCGTGTTG CTTATGGGCA TTATATTGAA GATTTTCCAA GGCAATGTAT TTTCATTGGT	660
	ACAACTAATA AAGTTGATTT CTTAAGAGAT GAACTGGTG GAAGACGTTT TTGGCCAATG	720
15	ACTGTAAATC CAGAGAGAGT TGAAGTGAAC TGGTCTAAAC TAACCAAAGA TGAGATTGAC	780
	CAAATTTGGG CAGAAGCTAA ACACTATTAT GAACAAGGAG AAGATTTATT CCTTAACCCT	840
20	GAACTAGAAG AAGAAATGCG TTCAATACAA AGCAAACATA CTGAGGAATC TCCATATACA	900
	GGCATTATTG ATGAATATCT TAACACACCGm ATTCctAGCa ATTGGGATGA CTTAACTATC	960
	TTTGAACGAA GACGATTTTA TCaAGGTGAT GTTGATATGT TACCcACAGG AAATGTaGAT	1020
25	TACGTTAAAA GAAATAAAGT CTGTGCGCTT GAAGTGTTTG TTGAATGTTT TGGTAAAGAT	1080
	AAGGGAGATA GTAGAGGATC TATGGAAATT AGAAAGATTT CAAACATCTT AAGACAATTA	1140
	GACAATTGGT CTGTATATGA TGGTAATAAA AGTGGGAAAA TTCGATTTGG AAAAGATTAT	1200
30	GGTGTACAGA TAGCTTATGT AAGAGATGAA AGTTTAGAGG ATTAAATATA AGAAATATTG	1260
	AATAAATATG CATTTTAGAG TGTGTATCA GATGTTGCAT CATTTTTTGA GTGATGCAAC	1320
	ACGGGAGTGT AAAAAGTAAT CGTAGGTGTT GTATCATTTT TGGTGATGCA ACATTGATGC	1380
35	AACAAATGAT ACAACACCTC TTTCTTTTCT AGCTGTAGGG TTCAACCCTG TTTGTTTCCA	1440
	ATGTTGCATC AAATTCACCTA TAAAGTTTAA AAAGTAGTGT TAGGGAGTAA AGGGGTATAG	1500
40	GGGTAACCCT CTAACAGCTA TTTTAAAAAG TTTGGCAAGA ATTGATACAA CATCGGAACA	1560
	CAAATATAAA TTTTGTATAC AAGGTGAATA AATGAAAGAA TCGACATTAG AAAAATATTT	1620
	AGTGAAAGAG ATAACAAAGC TAAACGGTTT ATGTTTAAAA TGGGTCGCAC CTGGAACAAG	1680
45	AGGTGTGCCA GATAGAATTA TTATTATGCC AGAAGGAAAA ACATATTTTG TAGAAATGAA	1740
	GCAAGAAAAA GGAAAGTTGC ATCCTTTACA AaATATGTG CATAGACAAT TTGAAAATAG	1800
	AGaTCATAAA GTATATGTGT TATGGAATAA AGAACAAGTA AAaACTTTTA TCAGAwTGGT	1860
50	AGTGAACATT TGGCGATTGA CTTTCAAACC ACATAGCTnt CCAAAG	1906

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 680:

55

(A) LENGTH: 948 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 680:

10	AATTATTGA ATAAATTAGC AATTAAAGAG TTGATTGTG AGTTTAAGyA TTTGAGTGCA	60
	TTTGAAAAAG ATGTCATGTA TTTAATGTGT GAACAATATA AGCCGAGAGA AATTGCTCAA	120
	TTGATGCATG TAAAAGAGAA AGTGATTAT AATGCCATAC AACGATGTra AAATAAAATA	180
15	AAACGTTATT TCAAAATGAT TTGAAAAGCG CCTTAGGACG TGAATTGAAT TATAACGTGT	240
	TACTTACTGA TGGTTTGACA TTTGTTATAA ATTTTATGTA TAGTATACTG GTATTATAAT	300
	GAATAAAGGT GAATTATTGT GAGAAAAATA CCTTTAAATT GTGAAGCTTG TGGCAATAGA	360
20	AATTATAATG TTCCTAAGCA AGAAGGCTCG GCAACAAGAT TAACCTTAAA GAAATATTGT	420
	CCAAATGTA ACGCGCACAC AATTCATAAA GAATCGAAAT AAATACATTC GAAATAATAC	480
	TTTGATAATA TGTTCAAAGG ATTTGGAGGT TGAGCAGATG GCTAAAAAAG AAAGTTTCTT	540
25	TAAAGGCGTT AAGTCTGAAA TGGAAAAAAC AAGTTGGCCG ACGAAAGAAG AGCTATTTAA	600
	ATATACTGTA ATTGTAGTTT CTACTGTTAT ATTCTTCTTA GTCTTTTCT ATGCCTTAGA	660
30	TTTAGGAATT ACAGCATTGA AAAATTATT ATTITGGTTAG AGGAGTGAAG ACATGTCTGA	720
	AGAAGTTGGC GCAAAGCtTG GTATGCAGTG CATACATATT CTGGATATGA AAATAAAGTT	780
	AAAAAGAATT TAGAAAAAG AGTAGAATCT ATGaATATGA CTGAACAAAT CTTTAGAGTA	840
35	GTCATACCGG AAGGAAGAAG GAAACCTCCA GTAAaAAGnT GGCCAAGCCT AAAACCGCCT	900
	GTAAAAAAA ACCATTCCCC TGGGnTANGG TTTTAAGTGG GAATTTAA	948

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 681:

40

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 863 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: double
 (D) TOPOLOGY: linear

45

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 681:

50	ACAnATAATA ACAAAGCGCT TGCTAGTACC TCTTAAAAAG ATGATGCTAG CAAGCGCTTk	60
	TCTATACTAT ATATTATTTT TCTAAATTT TAACACCCTC TTGAGTGCCT ACAATAACTT	120
	GATCTGCCAT ATCTAAGAAG TATCCTGTCT CAAACACACC TGTCAGATGA ATTAAATACT	180

55